

**PROGRAMA COOPERATIVO REGIONAL DE FRIJOL PARA
CENTROAMERICA, MEXICO Y EL CARIBE**



INFORME TÉCNICO ANUAL

POA 1999-2000



STEPHEN E. BEEBE

MATTHEW BLAIR

CESAR CARDONA

GEORGE MAHUKU

FRANCISCO MORALES

IDUPULAPATI RAO

Cali, Valle, Colombia, Abril 2000

CONTENIDO

Página

PROYECTO 1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESO AMERICANO	1
SUBPROYECTO 1.1	MEJORAMIENTO DE FRUOL GRANO NEGRO
RESPONSABLE:	Stephen Beebe
Actividad 1.1.1	Evaluación de padres donantes de genes necesarios (VIPADOGEN)
Actividad 1.1.2	Desarrollo de padres superiores en bajo P o sequía, o con 1 o más resistencias para BC, MA, ANT, VMD
1.1.2.1	Obtención de cruzas con padres múltiples para caracteres específicos
1.1.2.2	Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos
	DOR 364 x G 19227A
	BAT 881 xG 21212
	DOR 364 xG 3513
	DOR 364 x BAT 477
	Líneas para baja baja fertilidad
	Líneas para sequía
	Líneas para precocidad
Actividad 1.1.3	Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples
1.1.3.1	Obtención de cruzas con padres múltiples y caracteres múltiples
1.1.3.2	Evaluación de poblaciones, familias, y/o líneas para factores múltiples
	F ^{abgm-l}
	Selección de familias F ₂
	Uso del frijol silvestre para identificar QTL (loci de caracteres cuantitativos) para mejorar el rendimiento
1.1.3.3	Líneas élites mejoradas introduciéndoles el gen <i>bgm-l</i>
1.1.3.4	Desarrollo de líneas para brúchidos
SUBPROYECTO 1.2	MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO ROJO
RESPONSABLE:	Stephen Beebe
Actividad 1.2.1	Evaluación de padres
Actividad 1.2.2	Desarrollo de padres superiores para bajo P o sequía o con resistencias múltiples
1.2.2.1	Obtención de cruzas con padres múltiples para caracteres específicos
1.2.2.2	Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos
	Líneas para mosaico dorado
	Líneas para sequía

Actividad 1.2.3 Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples	21
1.2.3.1 Obtención de cruzas con padres múltiples y caracteres múltiples	21
1.2.3.2 Evaluación de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples	22
Fi: <i>bgm-1</i>	22
Selección de familias F ₂	24
1.2.3.3 Conversión de líneas élites con el gen <i>bgm-1</i>	24
1.2.3.4 Desarrollo de líneas para brúchidos	24

SUBPROYECTOS 1.1 y 1.2 MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANOS NEGRO Y ROJO 26

RESPONSABLE: César Cardona

Actividad 1.1.1	Evaluación de padres donantes de genes necesarios (VIPADOGEN)	27
	Selección de fuentes de resistencia a los principales insectos plaga	27
1.1.1.1	Desarrollo de metodologías para evaluación de genotipos por resistencia a <i>Thrips palmi</i>	27
Actividad 1.1.2	Desarrollo de padres por piramidación de genes para BC, MA, ANT, VMD y <i>Picudo</i> separadamente	33
1.1.2.1	Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos	33
Actividad 1.1.3	Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples	37
1.1.3.1	Evaluación de poblaciones, familias y líneas para factores múltiples	37
1.1.3.2	Evaluación de líneas para <i>Empoasca</i> , brúchidos y Apion	38

SUBPROYECTO 1.3 TOLERANCIA A ESTRES ABIOTICO, NEGROSY ROJOS 40

RESPONSABLE: Idupulapati Rao

Actividad 1.3.1	Estudio fisiológico de tolerancia a baja fertilidad	41
1.3.1.1	Identificar genotipos eficaces en la absorción de fósforo	41
1.3.1.2	Identificación de genotipos de frijol tolerantes a aluminio y eficientes en el uso de nutrimentos	47
Actividad 1.3.2	Estudio fisiológico de tolerancia a sequía ~	59
1.3.2.1	Identificar los atributos de la planta para tolerancia a sequía, empleando genotipos contrastantes	59
1.3.2.2	Evaluación de la relación entre rendimiento de semilla y estado nutricional de la semilla en condiciones de sequía	64
1.3.2.3	Determinación de las diferencias de los genotipos en la adaptación a un nivel moderado de estrés por sequía	68

RESULTADO R.1 Se han desarrollado variedades, líneas y poblaciones de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, *Empoasca*, mancha angular, antracnosis, FBN, baja fertilidad, sequía o altas temperaturas).

PROYECTO 2. MEJORAMIENTO GENETICO DE FRIJOL ANDINO CARIBEÑO		71
SUBPROYECTO 2.1	DESARROLLO DE LINEAS Y VARIEDADES CON RESISTENCIA A LIMITANTES BIOTICAS	71
RESPONSABLE:	Matthew Blair	
Actividad 2.1.1	Desarrollo de líneas de valor comercial con resistencias múltiples	72
2.1.1.1	Desarrollo de cruzamientos con resistencias múltiples	72
	Selección de gametos en 47 poblaciones andinas	72
	Selección con ayuda de marcadores de líneas rojas moteadas resistentes al VMDF	73
2.1.1.2	Evaluación y selección de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples	74
	Uso del frijol silvestre en la identificación de QTL (loci de caracteres cuantitativos) para mejorar el rendimiento	74
RESULTADO R.2	Se han desarrollado poblaciones segregantes, líneas y cultivares con genes de resistencias a enfermedades y plagas	
PROYECTO 3. AMPLIACION DE LA BASE GENETICA Y ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA		78
SUBPROYECTO 3.2	CARACTERIZACION DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA	78
RESPONSABLE:	Francisco J. Morales	
Actividad 3.2.1	Evaluación de padres potenciales para Mosaico Severo (VMSF), “Amachamiento” (CCMV) y Mosaico Dorado del Frijol (VMDF)	79
3.2.1.1	Identificación de fuentes de resistencia al Mosaico Severo del Frijol (VMSF)	79
3.2.1.2	Caracterización del agente causal de la enfermedad del “amachamiento” (“esterilidad”) del frijol en Costa Rica, Panamá y Nicaragua	80
Actividad 3.2.2	Selección por resistencia a enfermedades virales (VMCF, VMSF, VMDF)	84
3.2.2.1	Mosaico Común (VMCF)	84
3.2.2.2	Liberación de cultivares de frijol resistentes a geminivirus, derivados de las fuentes andinas de resistencia al VMDF	84
Actividad 3.2.3	Apoyo a NARs en diagnosis de virus	85
3.2.3.1	Caracterización de la variabilidad patogénica y fisiológica en los virus y en los vectores de la mosca blanca que afectan el frijol en América Latina	85
3.2.3.2	Estudios sobre la enfermedad del “amachamiento” (“esterilidad”) del frijol en Costa Rica	86

SUBPROYECTO 3.3	APOYO A LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO	87
RESPONSABLE:	George Mahuku	
Actividad 3.3.1	Análisis de diversidad de cepas mesoamericanas de mancha angular con diferenciadores	88
3.3.1.1	Caracterización de la virulencia de aislamientos de <i>P. griseola</i>	88
Actividad 3.3.2	Análisis de diversidad de cepas mesoamericanas de mancha angular y de antracnosis usando marcadores moleculares (RAPD y RAMS)	88
3.3.2.1	Caracterización molecular de los patógenos de la mancha Angular y de la antracnosis	89
3.3.2.2	Desarrollo de un método rápido y fácil de extracción de ADN	90
3.3.2.3	Desarrollo de microsatélites (SSR) como el mejor método para caracterizar patógenos	92
3.3.2.4	Caracterización molecular de los aislamientos de <i>P. griseola</i> de América Central	94
Actividad 3.3.3	Búsqueda de nuevas fuentes de resistencia a cepas mesoamericanas de mancha angular	98
Actividad 3.3.4	Evaluar fuentes identificadas con resistencia a mancha angular con otras cepas de Centroamérica	101
Actividad 3.3.5	Análisis de genes andinos de resistencia a mancha angular con cepas mesoamericanas	103
Actividad 3.3.6	Análisis de genes andinos de resistencia a antracnosis con cepas mesoamericanas	103
3.3.6.1	Caracterización de genes de resistencia a la antracnosis de origen andino	104
Actividades adicionales, no financiadas por PROFRIJOL		
Actividad 3.3.7	Caracterización de los genes de resistencia a las enfermedades y a los insectos	107
3.3.7.1	<i>Xanthomonas campestris</i>	107
Actividad 3.3.8	Desarrollo, normalización y aplicación de un método rápido de invernadero para seleccionar germoplasma de frijol respecto a su tolerancia de <i>Macrophomina phaseolina</i> y la conexión con la tolerancia de la sequía	109
RESULTADO R.3	Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a los principales factores bióticos y se caracterizó la diversidad de los patógenos del frijol.	

APOYO A PROFRIJOL POR PARTE DEL CIAT	112
Proyecto Regional de Frijol para América Central y el Caribe (PROFRIJOL)	113
Fundación Regional de Investigación y Desarrollo Agropecuario (FRIDA)	114
Apoyo brindado a los programas de mejoramiento de los SNIA mediante el suministro de germoplasma y conocimientos técnicos	115
• Análisis del VIRAF, con énfasis en América Central	115
• Puesta en práctica del Sistema Internacional de Información sobre Cultivos (ICIS) para el frijol común	116
• Manejo del suelo y cultivos	117
Evaluación de genotipos élitos de frijol respecto a su tolerancia de condiciones de baja fertilidad del suelo en campos de agricultores en México y Cuba	117
Evaluación de genotipos élitos de frijol respecto a su tolerancia de la sequía en campos de agricultores en Nicaragua	118
• Distribución de semilla a los socios colaboradores	118
Apoyo para el desarrollo de los recursos humanos	122
• Viajes y asistencia a reuniones	122
• Capacitación	123
• Base de datos de RAPD/marcadores	123
• Proyecto colaborativo	123
• Notas conceptuales preparadas	123

CIAT

PLAN OPERATIVO ANUAL 1999-2000

PROYECTO 1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESOAMERICANO

SUBPROYECTO 1.1. MEJORAMIENTO DE FRUOL GRANO NEGRO

RESPONSABLE: Stephen Beebe

RESULTADO R.1. Se han desarrollado variedades, líneas y poblaciones de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, *Empoasca*, mancha angular, antracnosis, baja fertilidad o sequía)

ACTIVIDADES S.I.I	METAS	PRESUPUESTO
1.1.1 Evaluación de padres donantes de genes necesarios (VTPADOGEN)	Aproximadamente 200 accesiones de germoplasma y líneas evaluadas para BSMV, antracnosis y mancha angular, y estrés edáfico	
1.1.2 Desarrollo de padres superiores en bajo P o sequía, o con 1 o más resistencias para BC, MA, ANT, VIVID		
1.1.2.1 Obtención de cruzas con padres múltiples para caracteres específicos	Mas de 30 poblaciones para piramidación de genes desarrollados	1,000
1.1.2.2 Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos	Mas de 1000 familias evaluadas y seleccionadas	3,000
1.1.3 Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples		
1.1.3.1 Obtención de cruzas con padres múltiples y caracteres múltiples	Mas de 40 poblaciones F ₂ cada una desarrolladas para factores múltiples	-1,000
1.1.3.2 Evaluación de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples	Mas de 2000 familias de mas de 40 poblaciones evaluadas y seleccionadas para factores múltiples	7,000
1.1.3.3 Líneas elites mejoradas introduciéndoles el gen <i>bgm-1</i>	Cinco negros elites convertido con <i>bgm-1</i>	1,000
1.1.3.4 Desarrollo de líneas para brúchidos	100 líneas evaluadas con resistencia a brúchidos y antracnosis	500
PRESUPUESTO TOTAL S.I.I		13,500

Actividad 1.1.1 Evaluación de padres donantes de genes necesarios (VIPADOGEN)

En las localidades de Santander de Quilichao y Popayán y durante dos semestres consecutivos se evaluaron **199** genotipos de grano negro bajo presión artificial de antracnosis, mancha angular, bacteriosis común y adaptación a condiciones de baja fertilidad; al tiempo se evaluó su reacción al virus del mosaico común (BCMV). **115** de ellos poseen resistencia a BCMV, **86** presentan una nota ≤ 5 para antracnosis y 70 a mancha angular; 34 genotipos presentan una adaptación de 6 o menos a condiciones de baja fertilidad en el suelo. Una representación gráfica se puede observar en la Figura 1. Como complemento a este vivero también fueron evaluados **1198** materiales de otros colores (menos rojos pequeños), sus resultados se resumen en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Evaluaciones de padres tipo negro y otros colores en Santander de Quilichao y Popayán durante 1999.

Tipo grano	Total	BCMV	Notas menores o iguales a 5			ADAPBF (≤ 6)
			ANT	ALS	CBB	
Negro	199	115	86	70	4	34
Otros	1198	477	499	392	50	139

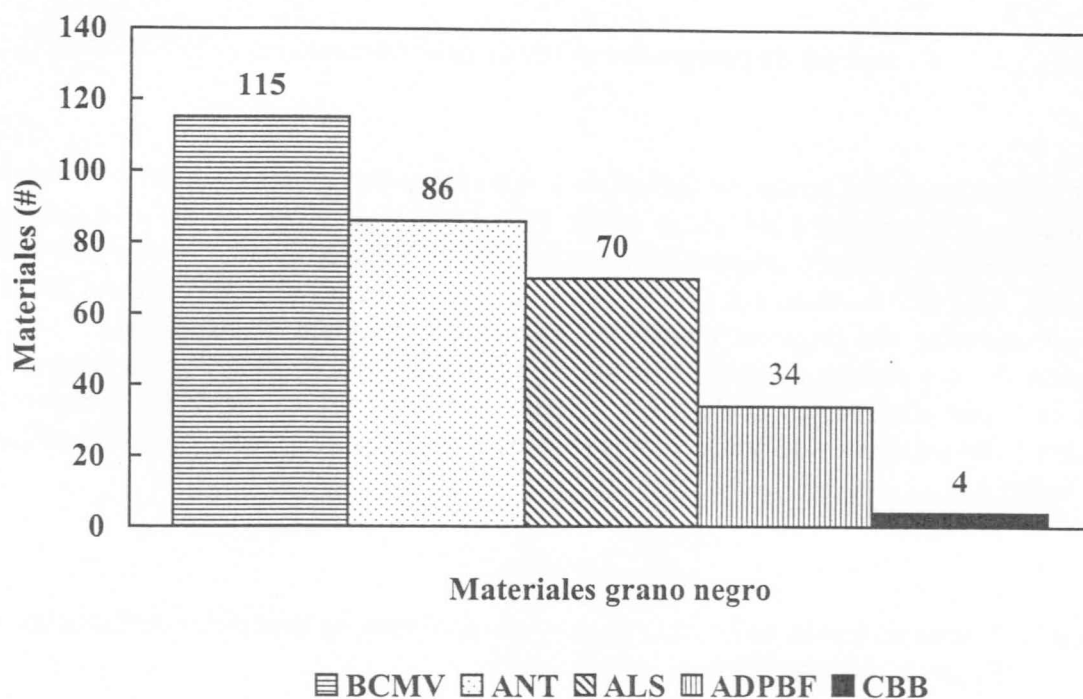


Figura 1. Evaluaciones de padres grano negro realizadas durante 1999.

Actividad 1.1.2 Desarrollo de padres superiores en bajo P o sequía, o con 1 o más resistencias para BC, MA, ANT, VMD

1.1.2.1 Obtención de cruzas con padres múltiples para caracteres específicos

Cruzas entre padres para tolerancia a estrés edáfico

1. TLP 30 x FEB 192
2. VAX 1x FEB 192
3. VAX 1 x A 774
4. TLP 30 x IPA 7
5. TLP 30 x TLP 34
6. VAX 1 x TLP 34
7. VAX 1 x TLP 30
8. BAT 304 x TLP 30
9. BAT 304 x TLP 35
10. BAT 477 x TLP 30

Cruzas involucrando padres para tolerancia a sequía

1. SEA 5 x SX 12009-270
2. SEA 5 x INTERESP1
3. SEA 5 x 1INTERESP2
4. SX 12008-35 x SX 12009-43
5. SX 12008-35 x INTERESP3
6. SX 12008-35 x INTERESP4

Cruzas combinando estrés abiótico con otras resistencias

1. VAX 1 x (UCR 55 x SAM 1)
2. TLP 30 x (UCR 55 x SAM 1)
3. SEA 5 x (DOR 390 x SAM 1)
4. A 774 x (DOR 390 x SAM 1)
5. A 801 x (DOR 390 x SAM 1)
6. A 785 x (DOR 390 x SAM 1)
7. VAX 1 x (DOR 390 x SAM 1)
8. SEA 5 x (Ostua x SAM 1)
9. A 774 x (Ostua x SAM 1)
10. A 801 x (Ostua x SAM 1)
11. A 785 x (Ostua x SAM 1)
12. A 801 x (MUS 181 x SAM 1)
13. IPA 7 x (TLP 30 x SAM 1)
14. G 21212 x (TLP 30 x SAM 1)
15. A 774 x (TLP 34 x SAM 1)
16. FEB 212 x (TLP 34 x SAM 1)
17. IPA 7 x (TLP 34 x SAM 1)
18. TLP 30 x (TLP 34 x SAM 1)
19. FEB 212 x (DOR 390 x SAM 3)
20. (TLP 30 x SAM 1) x (DOR 390 x SAM 3)
21. FEB 212 x (MUS 181 x SAM 3)
22. (TLP 30 x SAM 1)x (MUS 181 x SAM 3)

1.1.2.2 Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos

300 líneas recombinantes de cuatro poblaciones segregantes fueron evaluadas bajo condiciones de alto y bajo fósforo en el suelo y estrés por sequía. Una descripción y los resultados de cada ensayo se presentan a continuación:

DOR 364 x G 19227A

100 líneas recombinantes fueron evaluadas bajo un diseño de latice de 10x10 con tres replicaciones y 4 surcos por parcela bajo condiciones de bajo fósforo en la localidad de Darién en 1998a, 1998b y 1999a en Popayán; en condiciones de alto fósforo estuvo sembrado en Popayán 1999a. La línea BT 21139-80 superó en rendimiento a los progenitores, el promedio por localidad y de cada tratamiento se pueden observar en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Evaluaciones de líneas recombinantes de la crusa DOR 364 x G 19227 A realizadas en Darién y Popayán, Colombia durante 1998 y 1999 en condiciones de alto y bajo fósforo en el suelo.

Línea	Rendimiento (kg/ha)			
	Alto fósforo		Bajo fósforo	
	Popayán 1999	Popayán 1999	Darién	
			1998A	1998B
BT 21139-80	1252	1003	2139	1273
DOR 364	751	650	1453	622
G19227A	1090	957	1329	1016
Promedio	830	575	1500	642
DMSÍ(0.05)	250	292	443	391

BAT 881 xG 21212

100 líneas recombinantes fueron evaluadas bajo un diseño de latice de 10x10 con tres replicaciones y 4 surcos por parcela bajo condiciones de bajo y alto fósforo en las localidades de Darién y Popayán durante 1997b, 1998a, 1998b y 1999a. Tres líneas (BH 21134-62, BH 21134-66 y BH 21134-25) presentaron rendimientos superiores a uno o los dos padres al tiempo. Los promedios se observan en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Evaluaciones de líneas recombinantes de la cruza BAT 881 x G 21212, realizadas en Darién y Popayán, Colombia durante 1997-1999, bajo condiciones de alto y bajo fósforo.

Línea	Rendimiento (kg/ha)						
	Alto fósforo				Bajo fósforo		
	97B	Darién 98A	98B	Popayán 99A	Darién 98A	98B	Popayán 99A
BH 21134-62	3658	3946	3708	744	1814	1773	336
BH 21134-66	3725	3445	4671	621	1734	1146	610
BH 21134-25	3538	3604	4647	538	1609	1227	458
BAT 881	3384	2162	3734	484	1230	633	352
G 21212	2541	3413	3117	723	1795	1635	1049
Promedio	3089	2877	3737	465	1377	1069	394
DMS(0.05)	795	604	940	223	312	559	266

DOR 364 xG 3513

100 líneas recombinantes fueron evaluadas bajo un diseño de latice de 10X10 con tres replicaciones y 4 surcos por parcela bajo condiciones de bajo y alto fósforo en la localidad de Darién durante 1997b, 1998a, 1998b y 1999a. Tres líneas (BT 21140R-38, BT 211400-19 y BT 21140-27) presentaron rendimientos superiores a uno o los dos padres al tiempo. Los promedios se observan en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Evaluaciones de líneas recombinantes de la cruza DOR 364 x G 3513, realizadas en Darién, Colombia durante 1997-1999, bajo condiciones de alto y bajo fósforo.

Línea	Rendimiento (kg/ha)				
	Alto fósforo		Bajo fósforo		
	99A	98A	99A	98A	97B
BT 21140R-38	2209	3665	1256	1825	1247
BT 21140-19	2116	3029	1250	1364	1119
BT 21140-27	2109	3033	1154	1728	1138
DOR 364	1426	2586	848	1589	582
G 3513	1884	2896	1330	1764	1264
Promedio	1771	3020	1079	1476	845
DMS(0.05)	697	500	401	359	385

DOR 364 x BAT 477

100 líneas recombinantes fueron evaluadas bajo un diseño de latice de 10X10 con tres replicaciones y 4 surcos por parcela bajo condiciones de bajo y alto fósforo en la localidad de Darién durante 1998b; en 1999b se evaluaron bajo estrés de sequía en Palmira. Los resultados muestran que líneas como BT 21138-98, BT 21138-25 y BT 21138-49 superan ampliamente tanto en condiciones de estrés por sequía como de bajo fósforo a sus parentales. Un resumen se presenta en el Cuadro 5.

Cuadro 5. Evaluaciones de líneas recombinantes de la cruza DOR 364 x BAT 477, realizadas en Darién y Palmira, Colombia durante 1998 y 1999, bajo condiciones de alto y bajo fósforo y estrés hídrico.

Línea	<u>Rendimiento (kg/ha)</u>			
	Darién (98B)		Palmira (99B)	
	Alto fósforo	Bajo fósforo	Estrés hídrico	Estrés hídrico
BT 21138-98	3769	996	724	402
BT 21138-25	3527	958	669	544
BT 21138-49	3415	851	648	406
DOR 364	3331	683	297	445
BAT 477	3721	998	383	348
Promedio	3448	723	516	364
DMS(0.05)	714	318	229	175

Líneas para baja fertilidad

En Quilichao 98A, partiendo de un grupo inicial de 16 cruzas (entre F₁ y F₀), se seleccionaron los mejores surcos entre y dentro de cada población bajo condiciones de baja fertilidad, reduciéndose a 8 cruzas. En Popayán 98B, las 8 poblaciones (583 surcos) fueron sembradas en baja fertilidad y se cosecharon selecciones individuales (2393) en los mejores surcos las cuales fueron sembradas en Quilichao 99A, en condiciones de fertilidad media. Un total de 92 surcos (7 cruzas) fueron seleccionados visualmente, con estas líneas se armó un ensayo de rendimiento utilizando un diseño de latice 10X10 el cual se sembró en condiciones de fertilidad media con el fin de confirmar su comportamiento agronómico. Con los datos de rendimiento obtenidos se seleccionaron las mejores y se obtuvo un grupo de 30 entradas (3 cruzas); posteriormente se armó un látice 6X6 el cual será sembrado en condiciones de alta y baja fertilidad simultáneamente. Las entradas seleccionadas se aprecian en el Cuadro 6.

Cuadro 6. Líneas seleccionadas para ser probadas en condiciones de alta y baja fertilidad del suelo en Quilichao y Popayán.

Entrada		Rendimiento		
No.	Línea	(kg/ha)	Días a cosecha	Peso 100 semillas
1	AM 11833-10	1353	73	25
2	AM 11833-23	1567	75	29
3	AM 11833-23	2006	77	22
4	AM 11833-23	1281	77	28
5	MN 12684-7	1495	74	29
6	MN 12684-7	1318	77	25
7	MN 12684-9	1334	70	25
8	MN 12684-9	1187	71	23
9	MN 12684-19	1281	74	30
10	MN 12684-19	1391	76	30
11	MN 12684-19	1409	73	35
12	MN 12684-20	1631	70	31
13	MN 12684-20	1930	72	32
14	MN 12684-20	1506	72	28
15	MN 12684-20	1348	72	30
16	MN 12684-23	1377	75	29
17	MN 12684-24	1150	73	30
18	BF 12139-8	1496	77	22
19	BF 12139-8	1352	77	22
20	BF 12139-8	1419	78	23
21	BF 12139-9	1414	77	21
22	BF 12139-9	1372	78	21
23	BF 12139-24	1572	75	20
24	BF 12139-31	1340	77	22
25	BF 12139-31	1512	77	24
26	BF 12139-31	1535	76	23
27	BF 12139-47	1425	79	21
28	BF 12139-48	1474	78	24
29	BF 12139-48	1343	76	24
30	BF 12139-48	1506	76	23
31	TLP30	1002	73	21
32	TLP 35	1509	69	20
33	CARIOCA	1399	73	24
34	VAX 1	1790	73	25
35	DOR 390	936	75	19
36	A 774	1464	70	24

Líneas para sequía

En Junio de 1999 se evaluó bajo condiciones de estrés por sequía y riego, un ensayo en diseño de latice conformado por 42 líneas con color comercial, cinco testigos tolerantes y dos susceptibles a sequía. El ensayo tuvo tres repeticiones y cuatro surcos por parcela con una longitud de 5 m. separados a 60 cm entre sí. El estrés se garantizo suministrando un primer riego de presiembra y un segundo y último 12 días después de la germinación. El ensayo bajo sequía tuvo un promedio de 188 kg/ha mientras que bajo riego fue de 2173 kg/ha. Aunque estadísticamente ninguna de las líneas superó significativamente al testigo tolerante SEA 5, sí se aprecia que ya existen líneas de color negro con un comportamiento similar y algunas superior en magnitud a SEA 5, en el Cuadro 7 se aprecia claramente esta situación.

Cuadro 7. Evaluaciones bajo estrés por sequía y riego de líneas avanzadas tipo negro, realizadas en Palmira, Colombia, 1999.

Línea	Rendimiento (kg/ha)		Peso 100 semillas (g)		Días a cosecha	
	Estrés	Riego	Estrés	Riego	Estrés	Riego
SX 12008-167	977	2710	20	22	70	75
SX 11962-29	877	2662	20	22	68	74
SX 12008-195	839	2482	34	37	70	75
SX 12008-248	831	2492	23	24	64	69
SX 12008-246	819	2347	27	24	70	75
SEA 5 (TR) ¹	816	2235	26	29	64	69
A 750 (TS) ²	36	lili	25	29	85	85
Promedio	188	2173	24	27	68	74
DMS (0.05)	188	614	1.9	2.2	2.6	1.8

¹ Testigo tolerante

² Testigo susceptible

Líneas para precocidad

31 líneas avanzadas fueron desarrolladas con el objetivo de obtener materiales que combinaran precocidad y rendimiento. Un latice de 6x6 fue evaluado bajo condiciones de luz natural y luz artificial (18 horas). La línea de mayor rendimiento fue el BAT 304 pero por precocidad fue la más tardía. Entre las líneas seleccionadas, dos se destacaron por precocidad y rendimiento, siendo éstos la entrada 26, que rindió casi tanto como el BAT 304 pero con una ventaja de 8-9 días en precocidad y la entrada 19, de tipo pinto que fue tan precoz como Orguloso pero rindió casi el doble (Cuadro 8). Se notaron rendimientos más bajos con luz artificial para extender el fotoperiodo, pero se desconoce la causa.

Cuadro 8. Evaluaciones de líneas de frijol bajo luz natural y artificial (18 horas) realizadas en Quilichao, Colombia, durante 1999.

Línea	Luz artificial		Luz natural	
	Días a Cosecha	Rendimiento (kg/ha)	Días a Cosecha	Rendimiento (kg/ha)
BAT 304	70	1373	70	1992
Línea 26 *	61	1179	62	1851
Línea 19 +	58	888	59	1641
Bola 60 Días	62	1104	64	1483
MCD 2004 (Desarrural)	63	1064	63	1092
Orguloso	59	490	57	873
Promedio	63	673	61	887

* (Othello x Pijao) x ((A57 x XAN 159) x (BAT 477 x G17341))

+ (Chase x PEF 13) x (Early Ray x G17341)

Actividad 1.1.3 Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples

1.1.3.1 Obtención de cruzas con padres múltiples y caracteres múltiples

1. UCR 55 x (G4691 x G10613)
2. UCR 55 x Sacapobres Negro
3. DOR 500 x (SAM 3 x G10909)
4. DOR 500 x (MUS 181 x (MUS 181 x SAM 1)F0
5. DOR 390 x (SAM 3 x G10613)
6. DOR 390 x Sacapobres Negro
7. DOR 390 x (DOR 500 x (MUS 181 x SAM 1)Fi)
8. UCR 55 x (UCR 55 x SAM 1)
9. DOR 390 x (DOR 390 x SAM 1)
10. DOR 500 x (DOR 390 x SAM 1)
11. BM 12483-1-1 x (DOR 390 x SAM 1)
12. MUS 181 x (DOR 390 x SAM 1)
13. ICTA OSTUA x (Ostua x SAM 1)
14. MUS 181 x (MUS 181 x SAM 1)
15. BM 12483-1-1 x (MUS 181 x SAM 1)
16. DOR 500 x (MUS 181 x SAM 1)
17. DOR 500 x (TLP 30 x SAM 1)
18. DOR 500 x (TLP 34 x SAM 1)
19. DOR 390 x (DOR 390 x SAM 3)
20. FEB 212 x (DOR 390 x SAM 3)
21. MUS 181 x (DOR 390 x SAM 3)
22. (TLP 30 x SAM 1) x (DOR 390 x SAM 3)
23. MUS 181 x (MUS 181 x SAM 3)
24. FEB 212 x (MUS 181 x SAM 3)
25. (TLP 30 x SAM 1)x MUS 181 x SAM 3)
26. (Tío Canela x (G4691 x G10909)) x MUS-N.8
27. (Tío Canela x (SAM 3 x G10613)) x Arroyo Negro
28. (Tío Canela x (SAM 3 x G10613)) x MUS-N.8
29. (Tío Canela x (G4691 x G10613)) x Arroyo Negro
30. (Tío Canela x (G4691 x G10613)) x DOR 500
31. DOR 390 x (DOR 390 x SAM 1) x SX 12009-70
32. DOR 390 x (DOR 390 x SAM 1) x SX 12009-43
33. (Ostua x (Ostua x SAM 1)) x SX 12008-35
34. (Ostua x (Ostua x SAM 1)) x SEA 5

1.1.3.2 Evaluación de poblaciones, familias, y/o líneas para factores múltiples

Fj: *bgm-1*

En el período comprendido entre junio de 1999 y marzo del 2000 se sembraron en Quilichao y Palmira 2671 plantas F_1 correspondientes a 31 poblaciones de grano negro con el propósito de evaluarlas con el SCAR DOR21 de mosaico dorado (BGMV). El 43.3% (1157) de las plantas presentaron la banda asociada con la resistencia al virus del mosaico dorado del frijol, mientras que el 53.1% (1418) presentaron la banda asociada a la susceptibilidad del BGMV, solo un 3.6% (96) no mostraron la presencia de ninguna banda. Se avanzaron por gametos solo las plantas que mostraron el alelo resistente, las demás se descartaron. Una síntesis de esta evaluación se observa en el Cuadro 9.

Selección de familias F_2

En dos ciclos de siembra en Santander de Quilichao, en 99A y 99B, se sembraron poblaciones en varias generaciones. Un total de 2146 familias F_2 derivadas de 55 poblaciones híbridas fueron evaluadas, 47 para bacteriosis y 8 para mancha angular. Ya que las plantas F_1 fueron en su mayoría evaluadas para el gen *bgm-1*, se tenía la seguridad de que estas familias tuvieran el potencial de segregar resistencia al BGMV. Entre las evaluadas para bacteriosis, 39 fueron seleccionadas, y entre aquellas para mancha angular, se seleccionaron 6. Estas pasaron a evaluaciones posteriores de antracnosis en Popayán en el año 2000.

Uso del frijol silvestre para identificar QTL (loci de caracteres cuantitativos) para mejorar el rendimiento

Antecedentes: El germoplasma silvestre ahora se reconoce como una fuente importante de genes para el rendimiento y otros caracteres agronómicos y de calidad. El año pasado se informó sobre los avances logrados en el desarrollo de poblaciones por introgresión de genes de frijol silvestre a frijol cultivado, retrocruzando dos veces un híbrido de frijol cultivado x frijol silvestre con el progenitor cultivado y las líneas en desarrollo. Este año tenemos los primeros datos de rendimiento de estas poblaciones.

Materiales y métodos: Este año se realizaron pruebas de rendimiento con dos poblaciones que se derivaron de un progenitor recurrente mesoamericano. Se obtuvo, como resultado, una población del cruzamiento de DOR 390, una variedad de grano negro pequeño, con G24390, un frijol silvestre del Nayarit, México. Se llevó a cabo un ensayo de rendimiento con esta población. Una segunda población se derivó del cruzamiento de DOR 390 x G24423, un frijol silvestre colombiano. Esta población fue sometida a pruebas de rendimiento en dos ambientes. Ambos progenitores silvestres fueron seleccionados con base en el análisis de AFLP (polimorfismos longitudinales de fragmentos amplificados), el cual indicó que estas accesiones silvestres eran relativamente distantes, en términos genéticos, del frijol cultivado. Los ensayos de rendimiento se sembraron en un diseño en

látice 10x10 en Santander de Quilichao (ambas poblaciones) y en Palmira (sólo la población con G 24423).

Cuadro 9. Híbridos tipo grano negro evaluados con el SCAR DOR21 de BGMV, durante el período comprendido entre junio de 1999 y marzo del 2000.

Código	Total	<i>bgm-1</i> (+)	<i>bgm-1</i> (-)	<i>b-gml</i> (0)
BGMV 55	120	39	64	17
BGMV 57	95	38	57	0
BGMV 58	108	53	55	0
BGMV 60	40	21	18	1
BGMV 65	254	119	121	14
BGMV 67	118	0	88	30
BGMV 69	20	2	17	1
BGMV 71	164	74	90	0
BGMV 72	16	16	0	0
BGMV 73	47	15	29	3
BGMV 84	125	43	69	13
BGMV 85	88	40	47	1
BGMV 88	33	7	21	5
BGMV 28(F ₂)	200	138	61	1
BGMV 90	95	22	73	0
BGMV 91	38	14	24	0
BGMV 92	61	24	36	1
BGMV 93	33	10	22	1
BGMV 94	99	54	44	1
BGMV 97	71	35	34	2
BGMV 99	83	29	53	1
BGMV 104	91	52	39	0
BGMV 113	65	21	41	3
BGMV 114	53	27	26	0
BGMV 115	65	32	33	0
BGMV 119	54	28	25	1
BGMV 126	78	35	43	0
BGMV 127	103	41	62	0
BGMV 128	144	75	69	0
BGMV 129	74	32	42	0
BGMV 133	36	21	15	0
Total	2671	1157	1418	96
%	100	43.3	53.1	3.6

Resultados: Aunque las líneas derivadas fueron significativamente diferentes en rendimiento en ambas poblaciones, ninguna población produjo líneas que fueran estadísticamente superiores a DOR 390. La mejor línea en cada caso produjo cerca de 300 kg más que DOR 390, lo cual no representó una ventaja significativa, no siendo sorprendente puesto que la introgresión del frijol silvestre normalmente reduce el rendimiento. Se previó desde un principio que podría ser necesario recurrir a los marcadores moleculares para reconocer los QTL positivos y para separar sus efectos de los efectos negativos predominantes del frijol silvestre.

Conclusiones: Es demasiado prematuro sacar conclusiones, se puede afirmar que no se lograrán fácilmente aumentos en el rendimiento, y que los marcadores serán un elemento necesario para evaluar el valor de estos cruzamientos. Por lo pronto, estamos haciendo avanzar otras poblaciones derivadas de frijol silvestre de Argentina y del norte de Perú. [S. Beebe, J.M. Osorno]

1.1.3.3 Líneas élites mejoradas introduciéndoles el gen *bgm-1*

Una estrategia fue implementada para mejorar la resistencia a BGMV de materiales de grano negro que ya están en uso como variedades comerciales, o que están avanzados en el proceso de prueba. Estos incluyen DOR 390, DOR 500, ICTA Ostúa y UCR 55. Ninguno de estos materiales poseen el gen *bgm-1* que ha resultado en un aumento marcado en resistencia de los rojos. Todos ellos fueron cruzados con la línea SAM 1 que porta no solo el gen *bgm-1* sino también dos o más genes de resistencia a bacteriosis. Selección para el *bgm-1* fue practicada en dos ciclos de retrocruzas, y actualmente se están purificando líneas a partir de F1-RC2.

1.1.3.4 Desarrollo de líneas para brúchidos

537 semillas híbridas F) correspondientes a cinco poblaciones de grano negro fueron evaluadas en el laboratorio para determinar la presencia de la proteína arcelina, encontrándose que 254 de ellas la poseían. Posteriormente estas semillas se sembraron en condiciones de campo y fueron sometidas al SCAR DOR21 de BGMV, encontrando que 62 plantas de las 184 que germinaron poseen además de arcelina el gen de resistencia para BGMV. El Cuadro 10 muestra un resumen de lo obtenido.

Cuadro 10. Evaluaciones de cruzas de grano negro a brúchidos y mosaico dorado, realizadas en Palmira durante 1999.

CRUZA	No. Sem.	Are +	Semill. germin.	bgnt-1 +
ICTA OSTUA x (A 785 x((RAZ 44 x SEL 1360) x (A429 x XAN309)))	100	46	30	8
(DOR 390 x (DOR 390 x SAM 3)) x (ICTA OSTUA x (A 785 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309))))	100	52	33	17
DOR 390 x (RAVEN x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A429 x XAN309)))	99	40	32	0
A 801 x (COMPUESTO CHIMALTENANGO 2 x ((A 429 x XAN 309) x (RAZ 44 x ROYAL RED))	26	10	6	3
(IPA 7 x (TIO CANELA 75 x SAM 3)) x (DOR 500 x ((RAZ 44 x212 ROYAL RED) x (CATRACHITA x WILKINSON 2)))		106	83	34
Total	537	254	184	62

CIAT

PLAN OPERATIVO ANUAL 1999-2000

PROYECTO 1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESOAMERICANO

SUBPROYECTO 1.2. MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO ROJO

RESPONSABLE: Stephen Beebe

RESULTADO R.I. Se han desarrollado variedades, líneas y poblaciones de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, *Empoasca*, mancha angular, antracnosis, baja fertilidad o sequía)

ACTIVIDADES S.1.2	METAS	PRESUPUESTO
1.2.1 Evaluación de padres	200 líneas y accessiones del banco de germoplasma evaluadas para resistencia a tres patógenos y estrés edáfico	2,000
1.2.2 Desarrollo de padres superiores para bajo P o sequía o con resistencias múltiples		
1.2.2.1 Obtención de cruas con padres Múltiples para caracteres específicos	Mas de 30 poblaciones con padres múltiples para factores específicos desarrollados	1,000
1.2.2.2 Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos	Mas de 500 familias evaluadas y seleccionadas	3,000
1.2.3 Desarrollo de líneas de valor Comercial con caracteres Múltiples		
1.2.3.1 Obtención de cruas con padres múltiples y caracteres múltiples	Mas de 40 poblaciones F ₂ con padres múltiples	1,000
1.2.3.2 Evaluación de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples	Mas de 1000 familias evaluadas y seleccionadas para factores múltiples	5,500
1.2.3.3 Conversión de líneas élites con el gen <i>bgm-1</i>	Tres líneas élites convertidas con <i>bgm-1</i>	500
1.2.3.4 Desarrollo de líneas para bruchidos	100 líneas evaluadas con resistencia a bruchidos y antracnosis	500
PRESUPUESTO TOTAL S.1.2		13,500

Actividad 1.2.1 Evaluación de padres

En las localidades de Santander de Quilichao y Popayán y durante dos semestres consecutivos se evaluaron 134 genotipos de grano rojo bajo presión artificial de antracnosis, mancha angular, bacteriosis común y adaptación a condiciones de baja fertilidad; al tiempo se evaluó su reacción al virus del mosaico común (BCMV). 57 de ellos poseen resistencia a BCMV, 60 presentan una nota ≤ 5 para antracnosis y 43 a mancha angular; 34 genotipos presentan una adaptación de 6 o menos a condiciones de baja fertilidad en el suelo. Una representación gráfica se puede observar en la Figura 2.

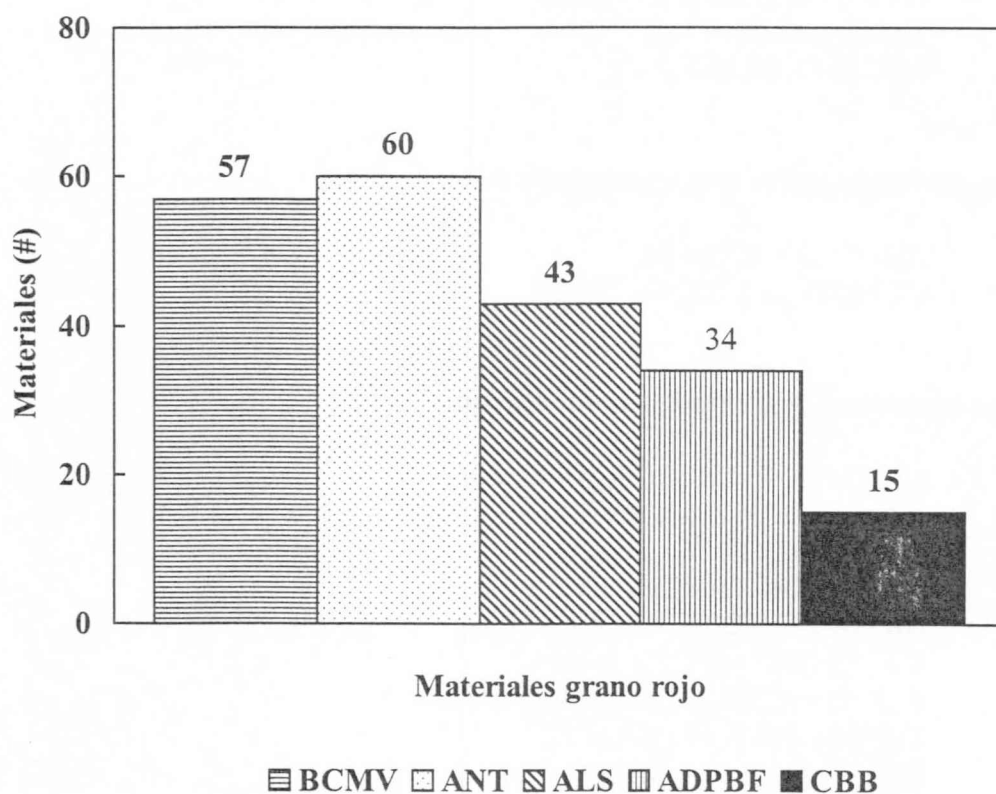


Figura 2. Evaluaciones de padres grano rojo realizadas durante 1999.

Actividad 1.2.2 Desarrollo de padres superiores para bajo P o sequía o con resistencias múltiples.

1.2.2.1 Obtención de cruzas con padres múltiples para caracteres específicos

Cruzas involucrando padres para estrés edáfico

1. FEB 212 x SAM 3
2. FEB 192 x SAM 3
3. A 774 x SAM 3
4. IPA 7 x SAM 3
5. (VAX 3 x MAM 38) x TLP 34
6. TLP 34 x SAM 3
7. VAX 1 x (VAX 3 x MAM 38)
8. VAX 1 x SAM 3
9. BAT 304 x SAM 3

Cruzas involucrando padres para tolerancia a sequía

1. SEA 5 x SX 12010-52
2. SX 12008-35 x SX 12010-52

Cruzas combinando estrés abiótico con resistencia

1. BM 12483-1-1 x(DOR 364 x SAM 1)
2. A 785 x (DOR 364 x SAM 1)
3. TLP 30 x (DOR 364 x SAM 1)
4. A 801 x (DICTA 122 x SAM 1)
5. DICTA 17 x (DICTA 122 x SAM 1)
6. IPA 7 x (DICTA 122 x SAM 1)
7. TLP 30 x (DICTA 122 x SAM 1)
8. TLP 35 x (TLP 35 x SAM 1)
9. SEA 5 x (TLP 35 x SAM 1)
10. FEB 212 x (TLP 35 x SAM 1)
11. IPA 7 x (TLP 35 x SAM 1)
12. TLP 30 x (TLP 35 x SAM 1)
13. A 801 x (DOR 482 x SAM 3)
14. A 785 x (DOR 482 x SAM 3)
15. DICTA 17 x (DOR 482 x SAM 3)
16. VAX 1 x (DOR 482 x SAM 3)
17. SEA 5 x (Tío Canela x SAM 3)
18. FEB 212 x (Tío Canela x SAM 3)
19. A 785 x (Tío Canela x SAM 3)

20. DOR 476 x (Tio Canela x SAM 3)
21. EPA 7 x (Tio Canela x SAM 3)
22. TLP 30 x (Tio Canela x SAM 3)
23. VAX 1 x (Tio Canela x SAM 3)
24. VAX 3 x (Tio Canela x SAM 3)
25. (TLP 35 x SAM 1) x (Tio Canela x SAM 3)
26. (TLP 35 x SAM 1) x (DOR 364 x SAM 3)
27. DICTA 17 x (TLP 30 x SAM 1)
28. (Tio Canela x (G4691 x G10474)) x (MAM 38 x VAX 3) -1
29. (MD 23-24 x (G4691 x G10474)) x A 801
30. (MD 23-24 x (G4691 x G10474)) x TLP 34
31. (MD 23-24 x (G4691 x G10474)) x DICTA 17
32. (Tio Canela x (G4691 x G10909)) x TLP 30
33. (DOR 715 x (G4691 x G10909)) x (MAM 38 x VAX 3) -3
34. (Tio Canela x (SAM 3 x G10613)) x (MAM 38 x VAX 3) -2
35. (Tio Canela x (SAM 3 x G10613)) x TLP 34
36. (MD 23-24 x (SAM 3 x G10613)) x (MAM 38 x VAX 3) -1
37. (Tio Canela x (SAM 3 x G10909)) x DICTA 17
38. (Tio Canela x (SAM 3 x G10909)) x TLP 30
39. (Tio Canela x (SAM 3 x G10909)) x (MAM 38 x VAX 3)-2
40. (Tio Canela x (G4691 x G10613)) x (MAM 38 x VAX 3) -1
41. (Tio Canela x (G4691 x G10613)) x A 801
42. (Tio Canela x (G4691 x G10613)) x Arroyo Negro
43. (Tio Canela x (G4691 x G10613)) x DOR 500
44. (Tio Canela x (G4691 x G10613)) x EPA 7

1.2.2.2 Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos

Líneas para mosaico dorado

Con el propósito de desarrollar líneas de color rojo con resistencia a mosaico dorado y que al tiempo combinen otras resistencias como mancha angular, bacteriosis, mosaico común y adaptación a condiciones de estrés edáfico, se evaluaron 826 familias correspondientes a 18 poblaciones segregantes, de las cuales se seleccionaron 194 líneas que presentaron la banda asociada al gen de resistencia al BGMV; de estas líneas se seleccionaron 66 por su color comercial. Del grupo que no presentaba la banda de resistencia se seleccionaron 16 líneas por su aceptable color comercial, lo que al final conformó un grupo de 77 materiales.

El vivero de 77 líneas fue evaluado a diferentes problemas. 61 de ellas fueron resistentes a mosaico común; con reacción de intermedias a resistentes (nota ≤ 6) hubo 56 para bacteriosis común, 16 para mancha angular y 13 para adaptación a baja fertilidad. Hasta el momento en condiciones de invernadero se han evaluado 38 líneas de este grupo, encontrando que 12 no presentan síntomas de infección; 10 líneas muestran incidencias entre 10 y 22%; nueve líneas entre 30 y 50% y siete líneas entre 50 y 89%. Un resumen de las evaluaciones se presenta en el Cuadro 11.

Cuadro 11. Evaluaciones de líneas rojas, realizadas en el laboratorio, invernadero y campo durante junio de 1999 a marzo del 2000 en CIAT, Colombia.

Línea	Mosaico Dorado (Laboratorio-Invernadero)					BCMV CBB ALS ADAPBF			
	SCAR DOR21 Inf	% Inf	BGMV	Malfv	Enanism				
MR 12747-10	+	0	1	1	1	R	6	7	7
MR 12439-6	+	0	1	1	1	R	5	7	7
MR 12439-31-1	+	0	1	1	1	R	3	7	7
MR 12439-31-2	+	0	1	1	1	R	3	7	8
MR 12439-31-3	+	0	1	1	1	R	2	7	8
MR 12437-2	+	0	1	1	1	R	8	7	8
MR 12437-135	+	0	1	1	1	R	7	7	8
MR 12438-76	+	0	1	1	1	R	7	7	9
MR 12438-93	+	0	1	1	1	R	6	7	8
Top Crop		10 0	9	7	6				

Líneas para sequía

En Junio de 1999 se evaluó bajo condiciones de estrés moderado por sequía un ensayo de 90 tratamientos organizados en un diseño de latice rectangular de 10x9, en los 90 tratamientos habían 81 líneas avanzadas, dos testigos susceptibles y 7 tolerantes a sequía entre líneas mejoradas y criollos mexicanos. El estrés suministrado consistió en tres riegos, uno de pregerminacion, el segundo diez días después de germinación y el tercero y último ocho días después del segundo. El ensayo tuvo un promedio para rendimiento de 913 kg/ha. Una línea, la SX 12010-73 superó estadísticamente y en forma significativa al testigo tolerante SEA 5 presentando 1457 y 905 kg/ha respectivamente. Cuatro líneas mas presentan un comportamiento idéntico a SEA 5. Los resultados se muestran en el Cuadro 12.

Cuadro 12. Evaluación de líneas de grano rojo a estrés hídrico en Palmira, Colombia 1999.

Línea	Rendimiento (kg/ha)	Peso 100 semillas (g)	Días a cosecha
SX 12010-73	1457	25	68
SX 12010-174-1	1189	25	65
SX 12010-174-2	991	23	67
SX 12010-40	986	25	68
SX 12010-52	969	29	72
SEA 5 (TR) ¹	905	26	64
A 750 (TS) ²	463	29	87
Promedio	913	24	67
DMS(0.05)	458	5.3	3.5

¹ Testigo tolerante

² Testigo susceptible

Actividad 1.2.3 Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples

1.2.3.1 Obtención de cruzas con padres múltiples y caracteres múltiples

1. DOR 364 x (DOR 364 x SAM 1)
2. BM 12483-1-1 x (DOR 364 x SAM 1)
3. DICTA 17 x (DOR 364 x SAM 1)
4. BM 12439-31 x (DOR 364 x SAM 1)
5. DICTA 122 x (DICTA 122 x SAM 1)
6. MCD 2004 x (DICTA 122 x SAM 1)
7. BM 12439-31 x (DICTA 122 x SAM 1)
8. Tio Canela x (DICTA 122 x SAM 1)
9. DOR 557 x (TLP 35 x SAM 1)
10. Tio Canela x (TLP 35 x SAM 1)
11. DICTA 113 x (DOR 482 x SAM 3)
12. DOR 557 x (DOR 482 x SAM 3)
13. Tio Canela x (Tio Canela x SAM 3)
14. MCD 2004 x (Tio Canela x SAM 3)
15. DICTA 113 x (Tio Canela x SAM 3)
16. MR 12439-31 x (Tio Canela x SAM 3)
17. DOR 364 x (DOR 364 x SAM 3)
18. BM 12483-1-1 x (DOR 364 x SAM 3)
19. MR 12439-31 x (DOR 364 x SAM 3)
20. (Tio Canela x (G4691 x G10474)) x DICTA 113
21. (Tio Canela x (G4691 x G10474)) x 9825-46-1/F6

22. (Tío Canela x (G4691 x G10474)) x DICTA 122 x (DICTA 122 x SAM 1)F1
23. (MD 23-24 x (G4691 x G10474)) x 9825-49-3 /F₆
24. (Tío Canela x (G4691 x G10909)) x Sacapobres rojo
25. (Tío Canela x (G4691 x G10909)) x DICTA 113
26. (Tío Canela x (G4691 x G10909)) x 9824-47-1/F7
27. (Tío Canela x (G4691 x G10909)) x (DICTA 122 x (DICTA 122 x SAM 1))
28. (Tío Canela x (SAM 3 x G10613)) x (MAM 38 x VAX 3) -2
29. (Tío Canela x (SAM 3 x G10613)) x Sacapobres rojo
30. (Tío Canela x (SAM 3 x G10613)) x DICTA 113
31. (MD 23-24 x (SAM 3 x G10613)) x (DICTA 122 x (DICTA 122 x SAM 1))
32. (Tío Canela x (SAM 3 x G10909)) x (DICTA 122 x (DICTA 122 x SAM 1))
33. DICTA 113 x (TLP 34 x SAM 1)
34. Tío Canela x (TLP 34 x SAM 1)
35. Tío Canela x (MUS 181 x SAM 3)
36. DICTA 113 x (TLP 30 x SAM 1)
37. Tío Canela x (TLP 30 x SAM 1)
38. Tío Canela xSX 12010-52
39. MD 23-24 xSX 12010-52 -1
40. MD 23-24 x SX 12010-52-2
41. MD 23-24 xSX 12008-35
42. (DOR 364 x (DOR 364 x SAM 1)) x SX 12010-52-1
43. (DOR 364 x (DOR 364 x SAM 1)) x SX 12010-52-2

1.2.3.2 Evaluación de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples

F_t: *bgm-1*

En el período comprendido entre junio de 1999 y marzo del 2000 se sembraron en Quilichao y Palmira 2756 plantas Fi correspondientes a 29 poblaciones de grano rojo con el propósito de evaluarlas con el SCAR DOR21 de mosaico dorado (BGMV). El 53.6% (1476) de las plantas presentaron la banda asociada con la resistencia al virus del mosaico dorado del frijol, mientras que el 45.5% (1253) presentaron la banda asociada a la susceptibilidad del BGMV, solo un 0.9% (27) no mostraron la presencia de ninguna banda. Se avanzaron por gametos solo las plantas que mostraron el alelo resistente, las demás se descartaron. Una síntesis de esta evaluación se observa en el Cuadro 13.

Cuadro 13. Híbridos Fi tipo grano rojo evaluados con el SCAR DOR21 de BGMV, durante el período comprendido entre junio de 1999 y marzo del 2000.

Código	Total	<i>bgm-1</i> (+)	<i>bgm-1</i> (-)	<i>bgm-1</i> (0)
BGMV 56	238	98	136	4
BGMV 61	138	65	73	0
BGMV 62	303	157	146	0
BGMV 63	165	100	64	1
BGMV 64	138	69	68	1
BGMV 66	196	113	83	0
BGMV 74	5	0	4	1
BGMV 75	5	0	4	1
BGMV 76	65	25	39	1
BGMV 86	194	108	84	2
BGMV 95	119	51	63	5
BGMV 96	46	21	23	2
BGMV 98	82	42	39	1
BGMV 100	47	24	23	0
BGMV 101	36	18	18	0
BGMV 102	95	56	39	0
BGMV 105	101	57	44	0
BGMV 106	66	38	28	0
BGMV 107	3	0	3	0
BGMV 108	59	21	38	0
BGMV 111	12	4	8	0
BGMV 112	95	5	90	0
BGMV 116	76	76	0	0
BGMV 117	74	74	0	0
BGMV 118	68	57	10	1
BGMV 121	95	64	26	5
BGMV 122	87	62	23	2
BGMV 123	38	25	13	0
BGMV 124	110	46	64	0 ...
Total	2756	1476	1253	27
%	100	53.6	45.5	0.9

Selección de familias Fi

En dos ciclos de siembra en Santander de Quilichao, en 99A y 99B, se sembraron poblaciones en varias generaciones. Un total de 2188 familias F₂ derivadas de 66 poblaciones híbridas fueron evaluadas, 50 para bacteriosis y 16 para mancha angular. Ya que las plantas Fi fueron en su mayoría evaluadas para el gen *bgm-1*, se tenía la seguridad de que estas familias tuvieran el potencial de segregar resistencia al BGMV. Entre las evaluadas para bacteriosis, 41 fueron seleccionadas, y entre aquellas para mancha angular, se seleccionaron 13. Estas pasaron a evaluaciones posteriores de antracnosis en Popayán en el año 2000.

1.2.3.3 Conversión de líneas élites con el gen *bgm-1*

Como en el caso de los negros, se buscó fortalecer la resistencia a BGMV en unos materiales rojos que expresan alguna resistencia pero no posean el gen *bgm-1*. Estos incluyen DOR 364, DICTA 113 y DICTA 122. Aunque estos últimos dos no fueron seleccionados específicamente para resistencia a BGMV sino a Apion, son progenies de DOR 364 y expresan un grado de tolerancia. Todos ellos fueron cruzados con la línea SAM 1 que porta no solo el gen *bgm-1* sino también dos o más genes de resistencia a bacteriosis. Selección para el *bgm-1* fue practicada en uno o dos ciclos de retrocruzas, y actualmente se está purificando líneas a partir de Fi-RC2 en el caso de DOR 364.

1.2.3.4 Desarrollo de líneas para brúchidos

700 semillas híbridas Fi correspondientes a 11 poblaciones de grano rojo fueron evaluadas en el laboratorio para determinar la presencia de la proteína arcelina, encontrándose que 349 de ellas la poseían. Posteriormente estas semillas se sembraron en condiciones de campo y fueron sometidas al SCAR DOR21 de BGMV, encontrando que 246 plantas de las que germinaron poseen además de arcelina el gen de resistencia para BGMV. El Cuadro 14 muestra un resumen de lo obtenido.

Cuadro 14. Evaluaciones de cruzas de grano rojo a brúchidos y mosaico dorado, realizadas en Palmira durante 1999.

CRUZA	No. Sem.	Are +	Semill. germin	bgm-l+
TIO CANELA 75 x (DICTA 17 x ((A 429 x XAN 309) x (RAZ 135 44 x ROYAL RED)))		60		60
TIO CANELA 75 x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309)))	34	20		20
CHINGO x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A429 x XAN309)))	41	26		26
CHINGO x (DICTA 17 x ((A 429 x XAN 309) x (RAZ 44 x ROYAL RED)))	131	63	41	18
ROJO DE SEDA x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 X ROYAL RED) x (CATRACHITA x WILKINSON 2)))	32	21	18	4
ROJO DE SEDA x (DICTA 17 x ((A 429 x XAN 309) x (RAZ 44 x ROYAL RED)))	59	33	28	8
DOR 364 x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309)))	51	19	17	3
9825-49-3/F6 x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309)))	62	31		31
9825-46- 1/F6 x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309)))	49	18		18
9824-56-2/F7 x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309)))	46	26		26
9824-47-1/F7 x (TIO CANELA 75 x ((RAZ 44 x SEL 1360) x (A 429 x XAN 309)))	60	32		32
Total	700	349		246

CIAT
PLAN OPERATIVO ANUAL 1999-2000

PROYECTO 1.

MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESOAMERICANO

SUBPROYECTOS 1.1 y 1.2 MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO NEGRO Y

GRANO ROJO

RESPONSABLE:

César Cardona

RESULTADO R.1.

Se han desarrollado variedades, líneas y poblaciones de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (*Apion*, *Empoasca*, mancha angular, antracnosis, baja fertilidad o sequía)

ACTIVIDADES S. 1.1 y 1.2	METAS	PRESUPUESTO
1.1.1 Evaluación de padres donantes de genes necesarios (VIPADOGEN)	Aproximadamente 1,100 accesiones de germoplasma y líneas evaluadas para BCMV, antracnosis, mancha angular y <i>Empoasca</i> (1 semestre)	500
1.1.1.1 Desarrollo de metodologías para evaluación de genotipos por resistencia a <i>Thrips palmi</i>	Aproximadamente 820 genotipos evaluados. (dos semestres)	600
1.1.2 Desarrollo de padres por piramidación de genes para BC, MA, ANT, VMD y <i>Picudo</i> separadamente		
1.1.2.1 Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos	Mas de 1.000 familias de mas de 10 poblaciones evaluadas y seleccionadas (un semestre)	1,200
1.1.3 Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples		
1.1.3.1 Evaluación de poblaciones, familias y líneas para factores múltiples	Aprox. 650 familias de unas 15 poblaciones evaluadas y seleccionadas para factores múltiples (dos semestres)	1,400
1.1.3.2 Evaluación de líneas para <i>Empoasca</i> , brúchidos y <i>Apion</i>	1.200-1.300 líneas evaluadas (dos semestres)	2,300
PRESUPUESTO TOTAL S.1.1 y 1.2		6,000

Actividad 1.1.1 Evaluación de padres donantes de genes necesarios (VIPADOGEN)

Logros:

- Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a *Zabrotes subfasciatus*, *Acanthoscelides obtectus* y *Empoasca kraemeri*.
- Se iniciaron estudios sobre *Thrips palmi*, una nueva plaga del frijol en América Latina.
- Se inició la selección por resistencia a *T. palmi*.

Selección de fuentes de resistencia a los principales insectos plaga

La identificación de fuentes de resistencia a los principales insectos plaga es una actividad continua. Es esencial conocer los mecanismos que explican la base de la resistencia a insectos para poder desarrollar estrategias de fitomejoramiento apropiadas. Aparte de los brúchidos y del saltahoja, este año se hizo énfasis en estudios iniciales sobre las posibles fuentes de resistencia al trips del melón, *Thrips palmi* Kamy, una nueva plaga del frijol en América Latina.

La selección de genotipos se hace generalmente en condiciones de presión alta de insectos. En el caso de los brúchidos, los viveros se evalúan en el laboratorio, utilizando de 3 a 5 repeticiones de 50 semillas por genotipo, infestadas con 7 parejas de *Z. subfasciatus* o, en el caso de *A. obtectus*, dos huevos por semilla. Los genotipos se clasifican por su resistencia, según los valores de porcentaje de emergencia de adultos y días a emergencia de adultos. Los viveros de saltahoja y de *T. palmi* se siembran en el campo con 3 repeticiones por genotipo en condiciones de niveles altos de infestación natural. La resistencia se basa en los puntajes de daño visual y en los puntajes de adaptación reproductiva.

1.1.1.1 Desarrollo de metodologías para evaluación de genotipos por resistencia a *Thrips palmi*

El trips del melón, *Thrips palmi* Kamy, es una nueva plaga del frijol y de varios otros cultivos importantes en América Latina. *Thrips palmi*, una especie nativa de la isla de Java, se ha registrado ahora en Florida (Estados Unidos), Caribe, Venezuela, Colombia y Brasil. Su incidencia en Cuba, Venezuela y Colombia ha sido más grave; ataca leguminosas (frijol y habichuela, principalmente), cucurbitáceas (melón, sandía, pepino y calabacín) y solanáceas (tabaco y papa). Este insecto chupa la savia de las plantas hospedantes; puede actuar como vector de diversas enfermedades virales en algunos hospedantes y se encuentra ampliamente distribuido en áreas dedicadas a la agricultura a altitudes que varían entre 300 y 2300 m sobre el nivel del mar. La habichuela presentó pérdidas de rendimiento de 30% en promedio en tres ensayos consecutivos.

En 1998 se iniciaron estudios sobre la biología de este insecto como plaga del frijol en el CIAT (Cuadro 15). Las hembras introducen huevos individuales en los tejidos foliares. En condiciones de 25 °C y 65% de HR, los huevos incuban en 4 días y los dos instar larvales se completan en 3.3 días. En promedio, las etapas de prepupa y pupa duran 2.6 y 2.7 días, respectivamente. La duración total media de las etapas inmaduras fue de 12.6 días. Los adultos son de color dorado y viven, en promedio, 17 días. Las hembras apareadas ovipositan un promedio de 30 huevos, mientras que las vírgenes ovipositan un promedio de 36.4 huevos. La partenogénesis es muy común. Las hembras no apareadas ovipositan huevos que se desarrollarán como machos. Los adultos son atraídos por el verde y el azul (Cuadro 16). Para realizar trabajos futuros sobre resistencia, estrategias de manejo y trampas, es fundamental conocer la biología del insecto y la forma de muestrearlo mediante atracción ejercida sobre él por determinados colores.

Se inició la selección masal por resistencia a *T. palmi* mediante el estudio del desempeño de 650 genotipos de frijol tanto en el CLA.T como en Pradera, un sitio cercano que presenta una infestación natural alta. Los materiales se calificaron por puntajes de daño visual, empleando una escala numérica de 1 a 9 (1, ningún daño; 3, daño inicial en las nervaduras de la hoja; 5, daño obvio en las nervaduras de la hoja, deformación de la hoja; 7, daño severo a lo largo de las nervaduras de la hoja, deformación severa de la hoja, apariencia plateada del follaje, retardo en el crecimiento de la planta; 9, daño severo, todas las hojas deformadas, muerte de yemas, defoliación). También se calificó la adaptación reproductiva (es decir, la capacidad de formación y llenado de vainas en condiciones de presión de insectos), empleando una escala visual de 1 a 9 (1, buena formación de vainas; 9, ninguna formación de vainas). Los resultados indicaron claramente que la susceptibilidad a *I palmi* en frijol es muy común. La mayoría de los genotipos mostraron puntajes de daño de 7 o superiores (Figura 3). Unos pocos genotipos incluidos en esta selección preliminar recibieron puntajes de 6 o inferior. Los puntajes reproductivos también presentaron un sesgo hacia la susceptibilidad (Figura 4). En general, las correlaciones entre los puntajes de daño visual y los puntajes de adaptación reproductiva fueron altas ($r = 0.876$, $P < 0.001$). En el Cuadro 17 se indican los mejores genotipos de la selección preliminar. Se encontró una interacción genotipo x ambiente, posiblemente debido a los niveles de fertilidad del suelo.

Cuadro 15. Parámetros biológicos del trips del melón, *Thripspalmi*, como plaga del frijol.
Estudios realizados a 25 °C y 65% de HR, empleando el cultivar ICA Pijao como sustrato.

Parámetro	N	Media ± o	Intervalo
Duración de las etapas inmaduras (días)			
Huevo	100	4.0 ± 1.1	1-7
Larva del primer instar	206	2.0 ± 1.0	1-7
Larva del segundo instar	151	1.3 ± 1.1	3-7
Prepupa	50	2.6 ± 1.0	4-8
Pupa	231	2.7 ± 2.3	5-13
Todas las etapas inmaduras		12.6 ± 3.7	14-42
Biología reproductiva			
Longevidad del macho (días)	19	16.5 ± 5.5	6-25
Longevidad de la hembra (días)	48	17.0 ± 7.1	6-35
Período de preoviposición (días)	48	4.5 ± 1.7	2-9
Período de oviposición (días)	48	13.0 ± 7.7	1-30
Huevos por hembra (apareada)	48	30.0 ± 22.0	2-33
Huevos por hembra (virgen)	21	36.4 ± 29.0	2-94
Fertilidad de los huevos (%)		92	

Cuadro 16. Números de adultos de *Thrips palmi* capturados por semana en trampas pegajosas aéreas con diferentes colores de fondo.

Color	Adultos por 15 cm ²					Media
	14 DDS*	21 DDS	28 DDS	35 DDS	42 DDS	
Verde	104.8a	349.8a	327.3a	384.8a	513.5a	336.0a
Azul	65.5ab	191.5b	171.8b	352.3a	447.0a	245.6a
Amarillo	53.3b	126.8c	124.5b	236.0b	231.0b	139.8a
Blanco	26.0c	140.3bc	142.0b	205.3b	189.5b	155.0b
C.V. (%)	7.5	4.7	5.5	3.2	2.1	13.9

* DDS = Días después de la siembra.

Los promedios dentro de una columna seguidos de la misma letra no son significativamente diferentes al nivel del 5% (Prueba del Rango Múltiple de Duncan).

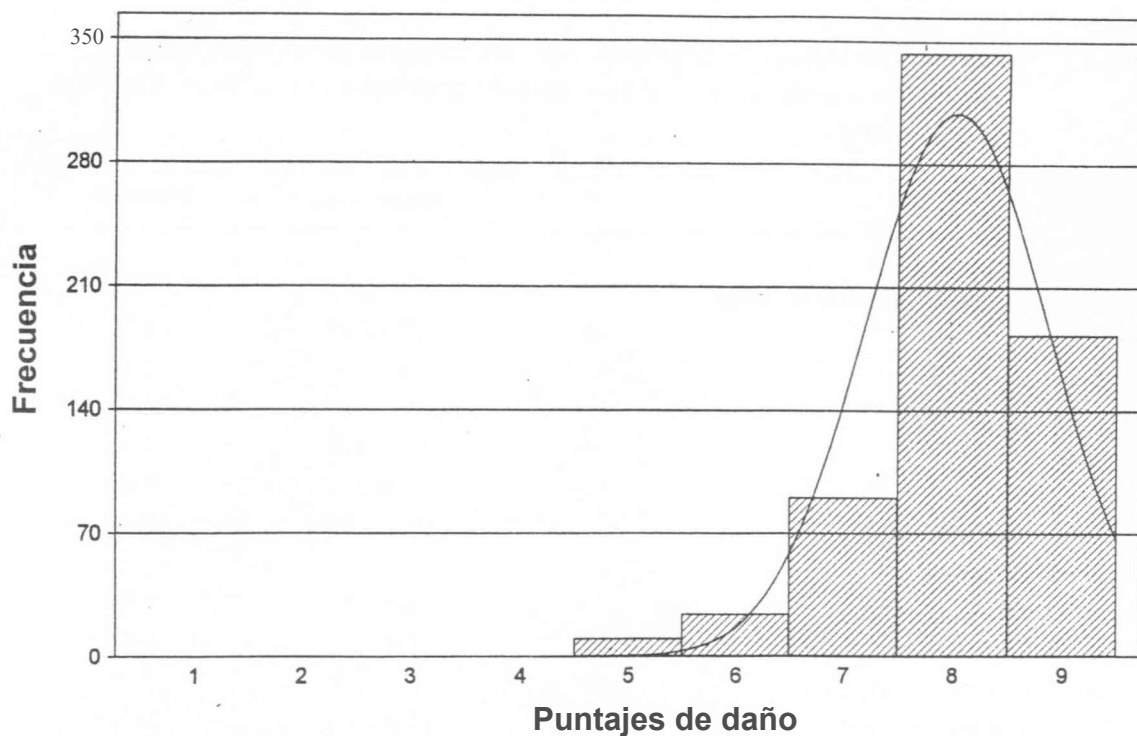


Figura 3. Histograma de frecuencia de los puntajes de daño visual en 650 genotipos de frijol seleccionados por su resistencia a *Thrips palmi*.

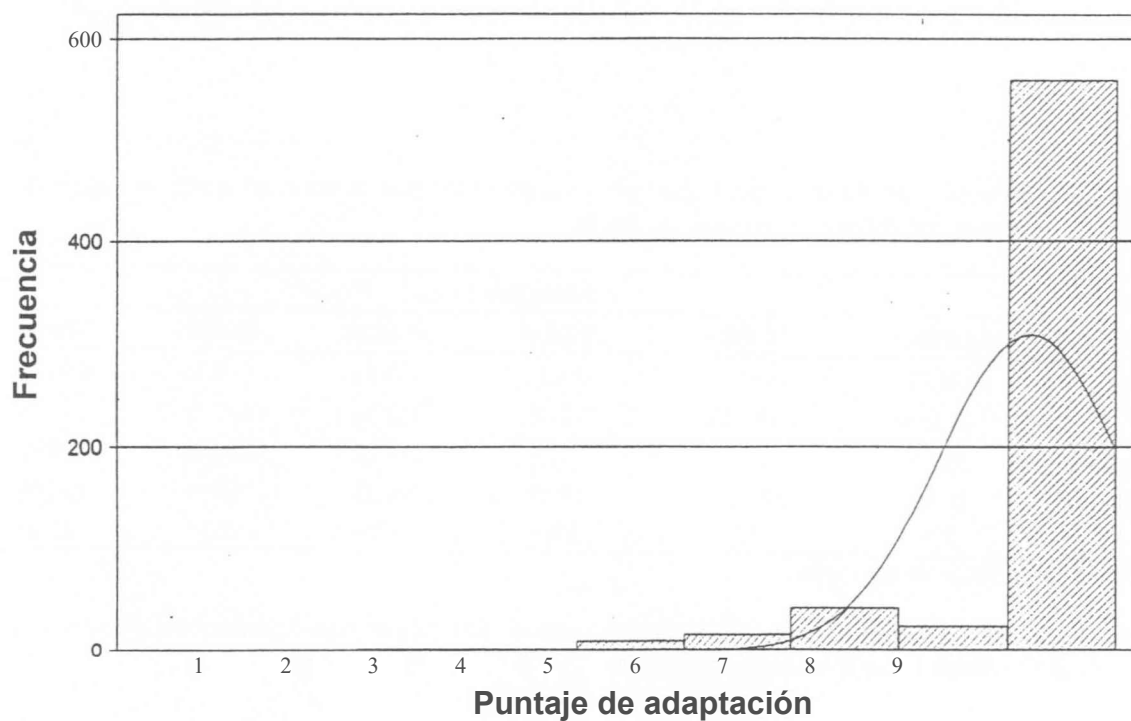


Figura 4. Histograma de frecuencia de los puntajes de adaptación reproductiva en 650 genotipos de frijol seleccionados por resistencia a *Thrips palmi*.

Cuadro 17. Respuesta de genotipos de frijol seleccionados al ataque de *Thrips palmi* en condiciones de alta presión de infestación natural.

Genotipo	Puntaje de daño visual		Puntaje de adaptación reproductiva	
	CIAT	Pradera	CIAT	Pradera
Brunca	4.7	4.0	6.0	4.0
Gloriabamba	8.3	4.0	9.0	4.5
EMP 486	6.7	6.0	7.6	3.5
Catrachita	8.0	5.0	8.6	4.5
G 19227 ^a	6.7	5.0	8.3	5.0
APN 111	7.7	5.5	8.6	4.5
BAT 881	4.7	5.5	6.0	5.0
BAT 477	6.0	5.5	7.0	5.5
MAM 38	8.0	6.0	9.0	5.5
EMP 522	5.7	6.0	6.6	5.5
EMP 507	5.0	5.5	7.0	5.0
EMP 412	6.3	5.5	7.0	4.5
G 03513	7.7	5.5	8.6	4.5
G 21212	7.3	6.0	8.6	5.5
PVA 773 ^a	8.2	7.0	9.0	8.0

a. 'ICA Caucaýá', testigo comercial.

Los pocos genotipos que mostraron alguna resistencia se seleccionaron nuevamente en los viveros para reconfirmar resultados, con repeticiones en el sitio de Pradera (Cuadro 18). Hasta ahora, los genotipos Brunca, EMP 486, BAT 881 y FEB 115 pueden clasificarse como promisorios para estudios adicionales.

Cuadro 18. Respuesta de genotipos de frijol seleccionados al ataque de *Thrips palmi* en condiciones naturales de alta presión de infestación (viveros para reconfirmar resultados con cuatro repeticiones por genotipo).

Genotipo	Puntaje de daño visual	Puntaje de adaptación reproductiva
BAT 881	6.0	6.0
Brunca	6.0	6.5
Catrachita	7.5	7.0
EMP 486	5.0	4.0
G 21212	8.0	6.0
Gloriabamba	7.0	6.0
FEB 115	5.0	3.0
DOR 714	5.0	4.0
XAN 332	6.0	5.0
PVA 773'	8.5	9.0

a. 'ICA Caucaýá', testigo comercial.

Se realizaron estudios adicionales sobre resistencia a trips, empleando líneas puras recombinantes (LPR) derivadas de una cruce entre BAT 881 y G 21212 (una fuente de tolerancia de la baja disponibilidad de P). Las pruebas iniciales sin repeticiones de 139 LPRs y sus progenitores mostraron una variedad de respuestas que se ajustan a una distribución asimétrica sesgada a la susceptibilidad (Figura 5). El intervalo de distribución puede indicar que varios genes están implicados en la respuesta al ataque de *I palmi*. Nuevamente, la correlación entre los puntajes de daño visual y los puntajes de adaptación reproductiva ($r = 0.864$, $P < 0.001$) fue alta. Cuando estos materiales se evaluaron empleando 4 repeticiones por genotipo, los puntajes de daño visual variaron de 4 a 9, y algunos materiales mostraron niveles altos de resistencia. Ocho LPRs presentaron puntajes de 6 o menos y se seleccionarán para estudios adicionales. El coeficiente de correlación de rangos entre los viveros con repeticiones y sin ellas fue significativo y alto (0.823, $P < 0.001$), lo que indica que las diferencias genéticas tienden a mostrar uniformidad en diferentes estaciones y niveles de infestación. Quedan pendientes los puntajes de adaptación reproductiva y la selección final de las líneas. [C. Cardona, J.M. Bueno]

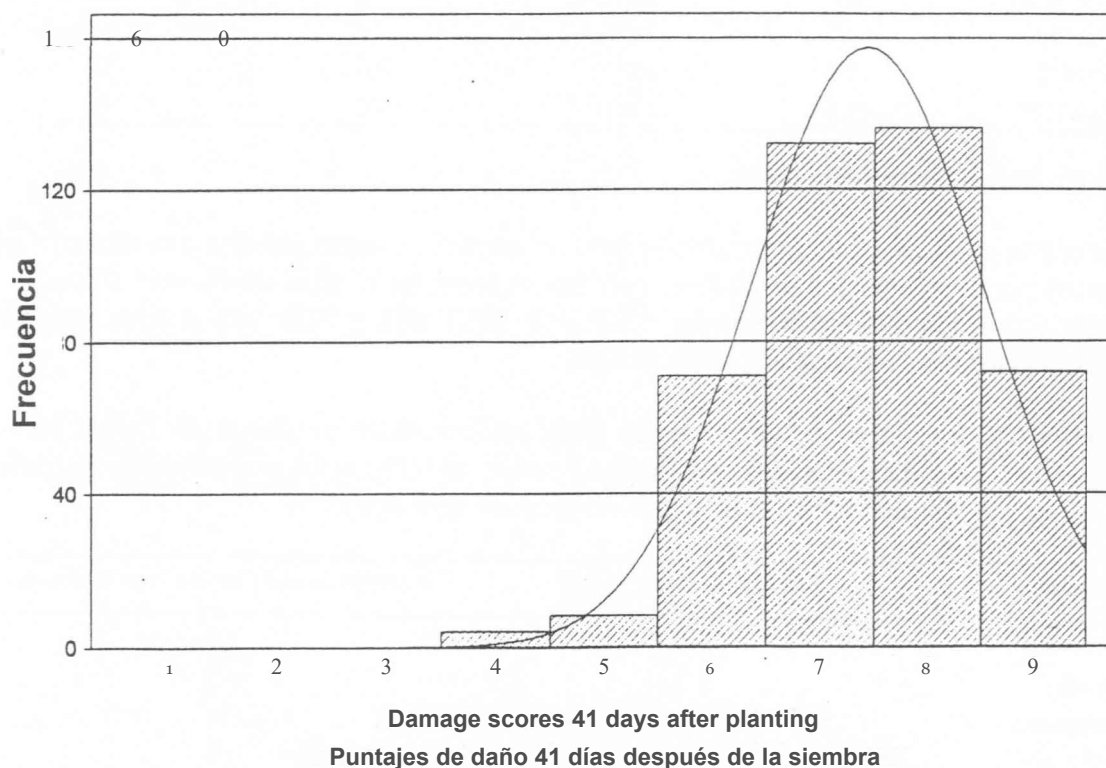


Figura 5. Elístograma de frecuencia de puntajes de daño en una población de 139 líneas puras recombinantes seleccionadas por resistencia a *Thrips palmi*. Las líneas derivadas de una cruce entre BAT 881 y G 21212 se seleccionaron en condiciones de campo con presión alta de insectos, en un vivero con repeticiones.

Actividad 1.1.2 Desarrollo de padres por piramidación de genes para BC, MA, ANT, VMD y *Picudo* separadamente

1.1.2.1 Evaluar poblaciones, familias y/o líneas para factores específicos

Saltahojas: Continuó el trabajo colaborativo con la Universidad de Guelph con la selección de 94 progenies F₄ de cuatro cruza dirigidas a desarrollar frijol blanco con resistencia combinada a *Empoasca kraemeri* y a *E. fabae*. Este material se hizo avanzar hasta la generación F₅ y se seleccionó respecto a tolerancia del saltahojas, con base en los puntajes de daño visual. Las mejores 21 líneas de grano blanco se evaluaron luego por rendimiento en condiciones protegidas y no protegidas. El Cuadro 19 indica las mejores selecciones; algunas de ellas superaron en rendimiento al testigo tolerante 'ICA Pijao'.

Cuadro 19. Desempeño de las mejores líneas F₀ de frijol blanco seleccionadas por tolerancia del saltahojas (medias de tres repeticiones por genotipo por nivel de protección).

Línea	Cruza	Puntaje de daño	Rendimiento (kg/ha)		Índice de susceptibilidad
			Protegido	Sin proteger	
95-25/-2	Laser/EMP 423	6.5	2420	641	0.97
95-25/-Ó	Laser/EMP 423	7.6	2874	812	0.90
95-32/-1	93-1/EMP 423	6.6	2428	718	0.94
95-32/-A	93-1/EMP 423	7.2	2144	535	1.03
95-40/-18	EMP423/EMP419	6.8	2759	694	0.93
95-40/-28	EMP423/EMP419	7.2	2588	843	0.90
EMP 419		6.7	2695	1005	0.84
EMP 423		6.8	1413	509	1.16
Laser		8.0	2572	627	0.97
BAT 41 ^a		9.0	1697	405	1.15
ICA Pijao ^b		7.1	2755	814	0.89
DMS 5%		0.55	526	211	
C.V. (%)		4.9	14.0	21.7	

a. Testigo susceptible.

b. Testigo tolerante.

En 1999, también se obtuvieron avances en el desarrollo de líneas rojas para América Central y de frijol tipo carioca para Brasil que combinan la resistencia al saltahojas, al CBB y al VMDF. De los numerosos materiales manejados, se destaca el desempeño de 9 líneas de grano rojo y 3 líneas tipo carioca que superaron a todos los testigos comerciales en términos de rendimiento en condiciones protegidas y sin proteger y con presión alta de saltahojas (Figura 6).

Además, se seleccionaron líneas que combinan resistencia a *Z. subfasciatus*, a *Apioti godmani* ya *E. kraemeri* por tolerancia del saltahojas en condiciones protegidas y sin proteger. En la Figura 7, se indican varios de estos materiales. El Cuadro 20 presenta otros materiales que combinan resistencia a varios factores y que muestran características de semilla apropiadas para las condiciones de América Central. [C. Cardona, J.M. Bueno]

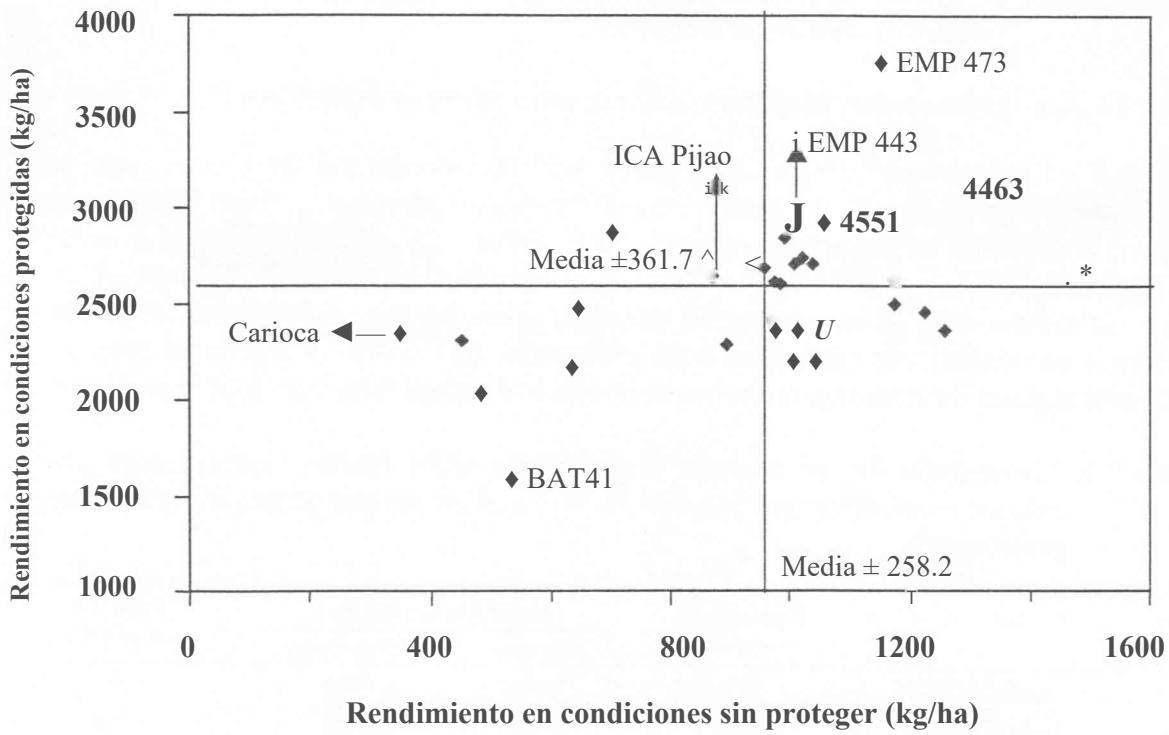


Figura 6. La relación entre rendimiento, en condiciones protegidas y sin proteger, de líneas mejoradas respecto a su resistencia a *Empoasca kraemeri*. Se indican los testigos seleccionados.

Cuadro 20. Puntajes de daño y desempeño del rendimiento de las mejores selecciones de gametos que combinaban resistencia al saltahoja, al gorgojo mexicano del frijol y al gorgojo de la vaina.

Línea Cruza	Puntaje de daño	Rendimiento (kg/ha)		Índice de susceptibilidad
		Protegido	Sin proteger	
45B49 (EMP 455 x RAZ 51) x (APN 18 x EMP 423)	6.5	3564	980	0.8
60B 84	6.7	2806	915	0.8
78B 116	6.5	2439	784	0.9
79B117	6.8	2526	1075	0.8
84B 126	6.7	3183	901	0.8
85B 127	6.8	2450	793	0.9
RAZ 51	7.3	2709	666	0.9
APN 18	7.8	2507	549	1.0
EMP 423	6.4	2120	523	1.0
BAT 41 ^a	9.0	2363	360	1.2
ICA Pijao ^b	7.2	2328	684	0.8
DMS 5%	0.5	821	243	
C.V. (%)	4.8	23.8	20.9	

a. Testigo susceptible.

b. Testigo tolerante.

Actividad 1.1.3 Desarrollo de líneas de valor comercial con caracteres múltiples

Logros:

- Se seleccionaron nuevas líneas con resistencia a enfermedades y a insectos.
- Se seleccionaron nuevas líneas con resistencia múltiple a insectos.

1.1.3.1 Evaluación de poblaciones, familias y líneas para factores múltiples

Z. subfasciatus: Se destaca la incorporación de los criterios de selección de arcelina en el programa de fitomejoramiento básico. Se desarrollaron 12 cruzas múltiples que combinaban fuentes de resistencia a *Z. subfasciatus*, a VMDF y a enfermedades fungosas con progenitores mesoamericanos. Se hizo un seguimiento de la presencia de arcelina en semilla F_1 de estas progenies (Cuadro 21) empleando una prueba serológica no destructiva. La semilla F_1 seleccionada por presencia de arcelina se sembró luego en el campo y se seleccionó por el gen *bgm-1* para resistencia a virus, empleando un marcador de ADN para la técnica SCAR (caracterización de secuencias de regiones amplificadas). Las plantas F_1 se usaron como fuente de polen para cruzamientos con cultivares comerciales y la población F_2 cosechada de plantas F_1 se seleccionarán respecto a las diferentes resistencias representadas en el cruzamiento. Los resultados se presentarán en el año 2000.

Cuadro 21. Selección por presencia de arcelina en semilla F_1 proveniente de cruzamientos realizados para hacer la selección de frijol, con la ayuda de marcadores moleculares, por diversos caracteres útiles.

Cruza	Semillas evaluadas (no.)	Semillas seleccionadas por presencia de arcelina (no.)
A785 [(RAZ 44 x SEL1360) F_1 x (A429 x XAN 309) F_1] F_1	36	20
Raven [(RAZ 44 x SEL1360) F_1 x (A429 x XAN 309) F_1] F_1	33	16
DOR 500 x [(RAZ 44 x Royal Red) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	39	21
Compuesto chimaltenango 2 x [(A429 x XAN309) F_1 x (RAZ44 x Royal Red) F_1] F_1	119	54
Icta Ostua x [(RAZ 44 x Royal Red) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	103	48
Tío Canela 75 x [(RAZ 44 x SEL1360) F_1 x (A429 x XAN 309) F_1] F_1	22	11
Rojos de Seda x [(RAZ 44 x SEL1360) F_1 x (A429 x XAN 309) F_1] F_1	5	5
Catrachita x [(RAZ 44 x SEL1360) F_1 x (A429 x XAN 309) F_1] F_1	17	7
Dicta 17 x [(A429 x XAN309) F_1 x (RAZ44 x Royal Red) F_1] F_1	154	73
Apogee x [(RAZ 44 x SEL1360) F_1 x (A429 x XAN 309) F_1] F_1	34	20
FEB 209 x [(A429 x XAN309) F_1 x (RAZ44 x Royal Red) F_1] F_1	79	36
FEB 212 x [(RAZ 44 x A429) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	67	31
CLA Quimbaya x [(RAZ 44 x Royal Red) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	17	8
Calima x [(RAZ 44 x A429) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	40	23
PVA 733 x [(RAZ 44 x A429) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	34	16
A 193 x [(RAZ 44 x A429) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	17	9
A 36 x [(RAZ 44 x Royal Red) F_1 x (Catrachita x Wilkinson 2) F_1] F_1	19	7
PVA 800A x [(A429 x XAN309) F_1 x (RAZ44 x Royal Red) F_1] F_1	105	54
Total	940	459

I. 1.3.2 Evaluación de líneas para *Empoasca*, brúchidos y Apion

Brúchidos: El proceso de reconfirmación y purificación de accesiones silvestres que contienen arcelina terminó en 1999. Como resultado de este estudio continuo, ahora se dispone de nuevas fuentes de resistencia, altamente purificadas, a *Z. subfasciatus* en G 12981 (arcelina 4), G 12981 (arcelina 5), G 12985 (arcelina 5), G 13029 (arcelina 5), G 11051 (arcelina 6), G 24582 (arcelina 7), G 24582A (arcelina 7) y G 24584 (arcelina 7). No se encontró ninguna fuente de resistencia a *Z. subfasciatus* entre las 18 accesiones nuevas de *Phaseolus acutifolius* y las 190 accesiones de *P. lunatus* evaluadas en 1999.

Se encontraron niveles muy altos de resistencia a *A. obtectus* entre 175 accesiones de *P. lunatus* que fueron evaluadas. De éstas, 37 fueron clasificadas como resistentes, y un porcentaje significativo de ellas (46%) mostraron altos niveles de resistencia por antibiosis (ninguna emergencia de adultos). Veintinueve fueron clasificadas como intermedias y 118 como susceptibles. Como se indica en informes anteriores, la resistencia a este insecto en frijol lima es común y generalizada, independientemente del origen geográfico, ocasionado siempre por los niveles muy altos de antibiosis.

Para terminar el proyecto colaborativo con la Universidad de Gent, se evaluaron 132 líneas Fg derivadas de una cruce entre G 25410 x G 25402 respecto a su resistencia a *A. obtectus* en pruebas repetidas. Se encontró excelente segregación por resistencia al insecto. Por tanto, 21 líneas fueron clasificadas como resistentes, 9 como intermedias y 100 como susceptibles (Figura 8). Estos datos se utilizarán en Gent para desarrollar marcadores moleculares que identifican resistencia al gorgojo del frijol. [C. Quintero, C. Cardona, J. F. Valor]

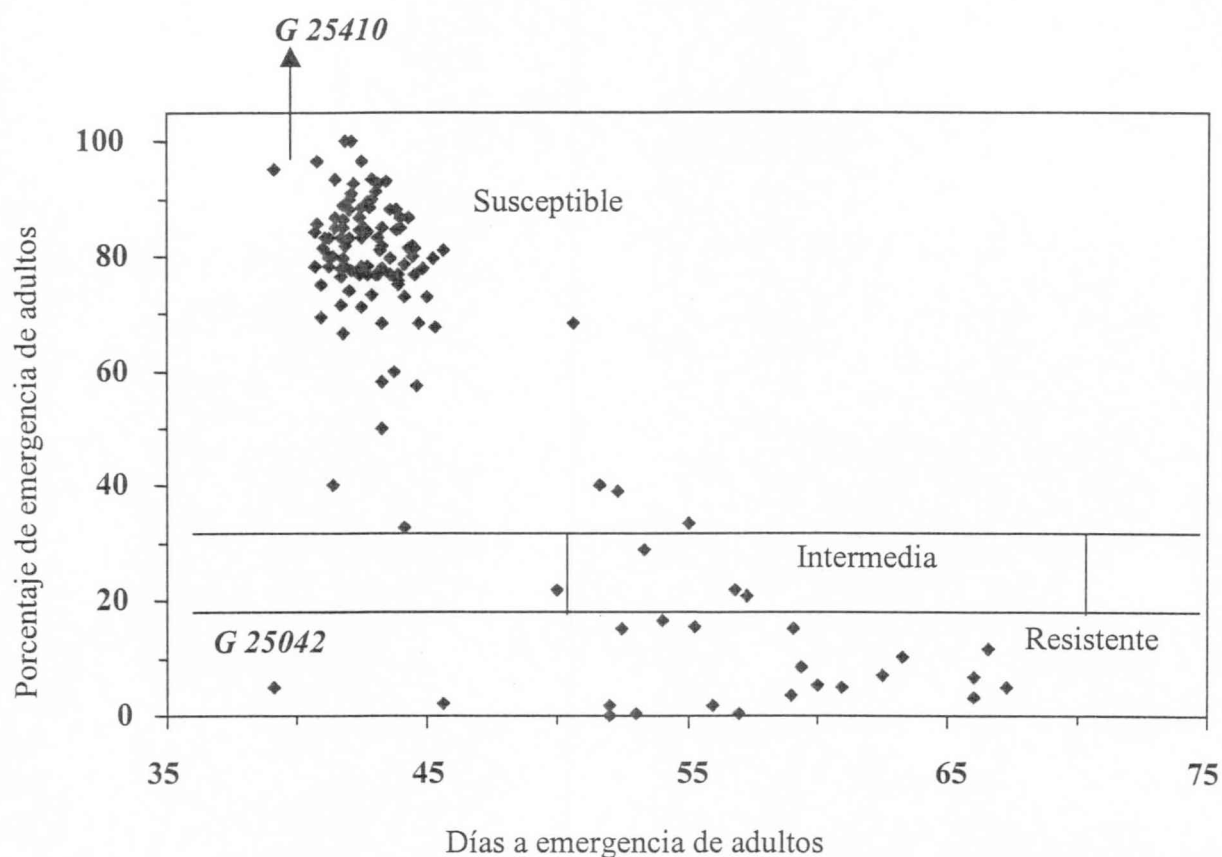


Figura 8. Niveles de resistencia y de susceptibilidad a *Acanthoscelides obtectus* en 132 líneas puras recombinantes F6 de *Phaseolus lunatus*, derivadas de una cruce entre G 25410 (susceptible) y G 25042 (resistente).

Saltahojas: En 1999, se seleccionaron 442 accesiones por resistencia al saltahojas. En condiciones de presión alta de insectos (13.2 ninfas/hoja) se confirmó nuevamente la resistencia del genotipo G 23927. Otras 39 accesiones fueron clasificadas inicialmente como intermedias pero no pasaron las pruebas para reconfirmar esa clasificación; ninguna de estas accesiones fue calificada como resistente. [C. Cardona, J.M. Bueno]

CIAT

PLAN OPERATIVO ANUAL 1999-2000

PROYECTO 1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESO AMERICANO

SUBPROYECTO 1.3. TOLERANCIA A ESTRES ABIOTICO, NEGROS Y ROJOS

RESPONSABLE: Idupulapati Rao

RESULTADO R.1. Se han desarrollado variedades, líneas y poblaciones de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, *Empoasca*, mancha angular, antracnosis, FBN, baja fertilidad, sequía o altas temperaturas)

ACTIVIDADES S.1.3	METAS	PRESUPUESTO
1.3.1 Estudio fisiológico de tolerancia a baja fertilidad	6 parámetros medidos en 49 genotipos evaluados en 2 sitios para buscar índices de selección para tolerancia a baja fertilidad (2 ensayos)	7, 000
1.3.2 Estudio fisiológico de tolerancia a sequía	5 parámetros medidos en 49 genotipos para buscar índices de selección para evaluar tolerancia a sequía (1 ensayo)	4, 000
PRESUPUESTO TOTAL S.1.3		11,000

Actividad 1.3.1 Estudio fisiológico de tolerancia a baja fertilidad

1.3.1.1 Identificar genotipos eficaces en la absorción de fósforo

- En la evaluación de campo a lo largo de dos estaciones de cultivo, en un suelo con bajo contenido de P, se identificaron tres genotipos de frijol (AFR 475, BAT 477, G 22041) sobresalientes en rendimiento de semilla tanto en condiciones de baja como de alta disponibilidad de P en el suelo.

Justificación: La disponibilidad de fósforo (P) en el suelo es una de las principales limitantes para la producción de frijol en el trópico. Cerca del 60% del frijol en América Latina se cultiva en suelos deficientes en P. En suelos con bajo contenido de P, el fertilizante fosfatado se fija en formas relativamente menos disponibles para las plantas. En los suelos fijadores de P, la recuperación por el frijol del fertilizante fosfatado rara vez sobrepasa el 25%. Es necesario reducir la dependencia de los pequeños agricultores a la aplicación de grandes cantidades de fertilizantes. La reducción en la aplicación de fertilizantes fosfatados puede lograrse combinando el desarrollo de germoplasma con una mejor respuesta, en rendimiento de semilla, a la aplicación de fertilizantes fosfatados. La identificación de caracteres y mecanismos específicos de la planta que contribuyen a la adaptación a bajo suministro de P en el suelo, ayudará a seleccionar genotipos de frijol con mayor eficiencia en el uso del fósforo (EUF) y del nitrógeno (EUN) cuando se cultiven en suelos con bajo contenido de P. El desarrollo de criterios de selección, tanto para EUF como para EUN, ayudará a incorporar mecanismos de EUF y EUN en los genotipos agrónomicamente deseables para el programa de mejoramiento.

Materiales y métodos: Se realizaron dos ensayos de campo en un Andisol bajo P en Darién, Colombia, para determinar las diferencias en la utilización de P y N entre acervos de genes de frijol seleccionados y cultivares ampliamente usados. Los detalles sobre los tratamientos y mediciones de P se describieron anteriormente (PROFRIJOL, Informe Técnico Annual - 1997-98). El primer ensayo incluyó 20 genotipos de frijol; de éstos, 12 eran mesoamericanos (Carioca, DOR 364, DOR 364 NN, G 2402, G 22041, AFR 475, G 3513, G 21212, G 19227A, BAT 881, BAT 477, BAT 477 NN) y 8 andinos (Calima, CAL 125, G 19833, G 14665, AFR 361 NN, AND 774, CAL 149, Tostado). Los genotipos NN son isolíneas cercanas, pero que no nodulan. El segundo ensayo incluyó 12 genotipos de frijol; de éstos, ocho eran mesoamericanos (Carioca, DOR 364, G 3513, G 21212, G 19227A, BAT 881, BAT 477, G 4830) y cuatro andinos (G 19833, G 19839, G 14665, CAL 149).

Resultados y discusión: Los resultados presentados son valores promedio de dos períodos de evaluación. La disminución en el rendimiento de semilla en condiciones de baja oferta de P estaba estrechamente asociada con la producción de área foliar ($r = 0.71$) durante el llenado del grano, lo que indica la importancia de la expansión foliar (Figura 9). En condiciones de baja oferta de P, sobresalió G 3513 entre los genotipos mesoamericanos en la producción de área foliar, mientras que G 22041 se destacó por su rendimiento de semilla. Una de las líneas mejoradas (AFR 475) sobresalió por su rendimiento de semilla con una producción moderada de área foliar, lo que indica una mejor capacidad para la movilización de fotoasimilados. Se destacaron tres genotipos (AFR 475, BAT 477, G

22041) por su rendimiento de semilla, en comparación con Carioca, tanto en condiciones de bajo como de alto suministro de P en el suelo (Figura 10). Estos tres genotipos presentaron una buena respuesta a la aplicación de fertilizantes fosfatados. La absorción de P de suelos con bajo contenido de este elemento fue marcadamente mayor en G 3513, lo cual se relacionó con el desarrollo vigoroso de su sistema radical (Figura 11; Cuadro 22). La relación entre longitud de raíz y área foliar fue significativamente mayor en los genotipos adaptados a la baja oferta de P que en el genotipo menos adaptado, DOR 364 (Cuadro 22).

Cuadro 22. Diferencias genotípicas en atributos de la raíz del frijol cultivado en suelos con baja oferta de P en Darién.

Genotipo	Longitud raíz (km/m ²)	Relación longitud raíz/área foliar (m/cm ²)
DOR 364	0.83	0.093
BAT 477	1.06	0.163
G 3513	1.33	0.151
G21212	1.09	0.150
E. S.	0.08	0.014

E. S = Error Stándar.

La relación entre eficiencia de uso de N y P entre los genotipos mesoamericanos indicó que G 21212 sobresale en el uso de P y de N para la producción de grano (Figura 12). Tres genotipos (G 3513, BAT 477 y AFR 475) combinaron mayor rendimiento de semilla con alto contenido de N en semilla (Figura 13). Estos genotipos no solo podrían adaptarse a suelos con bajo contenido de P sino que, además, contribuirían a mejorar la nutrición de los agricultores de escasos recursos de los trópicos, pues contienen mayor proteína en los granos. Entre los genotipos mesoamericanos, se encontró también que AFR 475 dependía menos del consumo de P, teniendo en cuenta que absorbió cerca de 3.0 kg de P por cada tonelada de semillas producida en condición de bajo suministro de P en el suelo (Cuadro 23). Las correlaciones (r) entre rendimiento de semilla y caracteres de la planta indicaron que el bajo rendimiento de semilla, en condiciones de bajo suministro de P, se relacionó estrechamente con la producción de área foliar (0.71), la absorción de N (0.76) y la absorción de P (0.74), mientras que el alto contenido de P en semilla se relacionó con la producción de área foliar (0.72), la EUF (0.66) y la EUN (0.61).

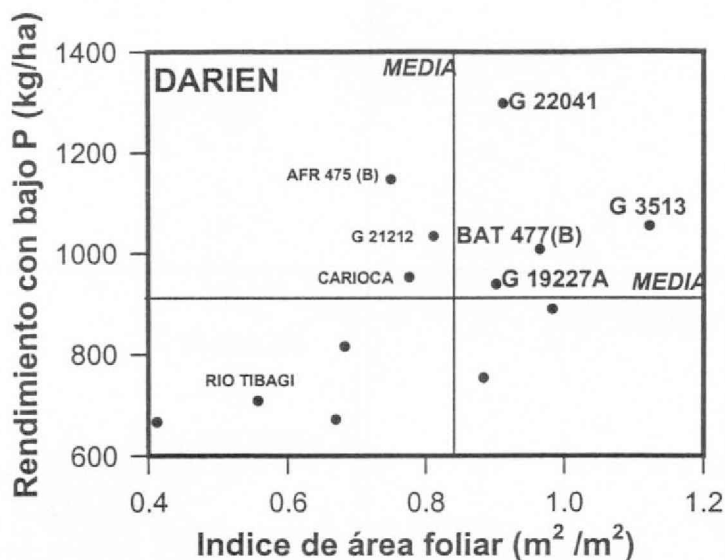


Figura 9. Identificación de genotipos adaptados a bajo suministro de P en suelo en Darién. Los genotipos que mostraron mayor producción de área foliar con mayor rendimiento de semilla, en la etapa media del llenado de vainas, en condiciones de bajo suministro de P en el suelo, están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

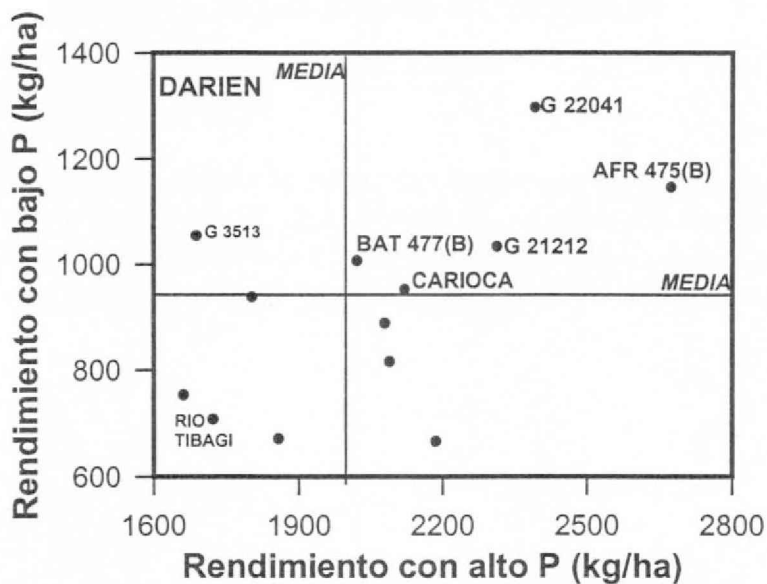


Figura 10. Identificación de genotipos adaptados a bajo suministro de P en el suelo y con respuesta a la aplicación de P edáfico en Darién. Los genotipos que produjeron rendimientos superiores en condiciones de bajo P y con mayor respuesta a la aplicación de P en el suelo están identificadas en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

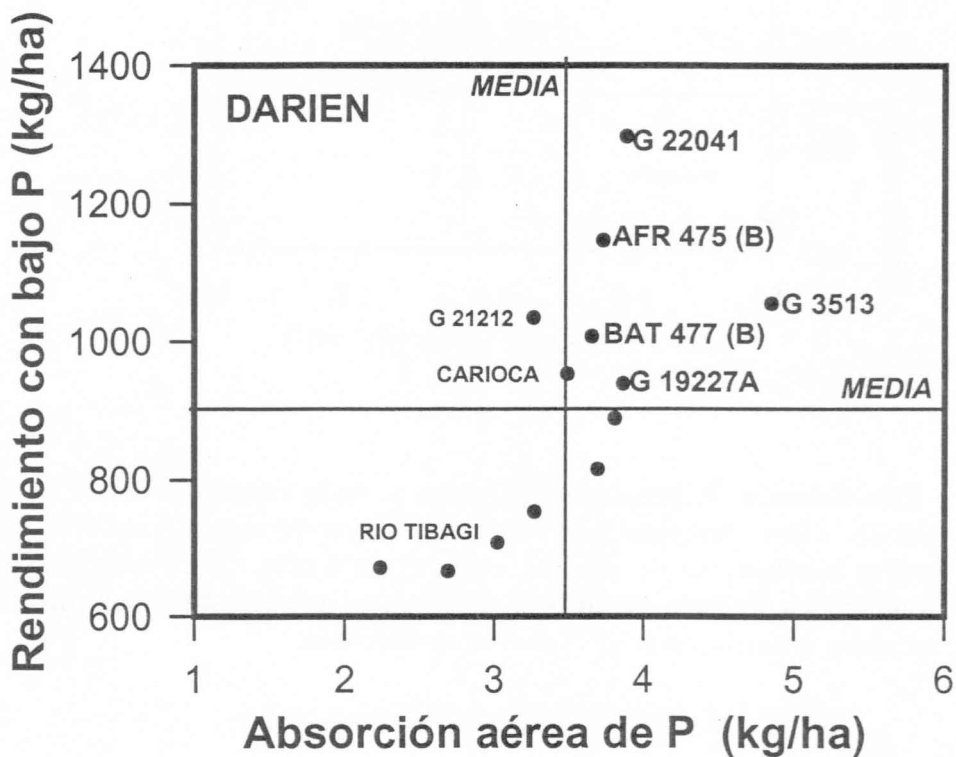


Figura 11. Identificación de genotipos con mayor absorción de P en suelos con bajo contenido de este elemento en Darién. Los genotipos con mayor rendimiento, en condiciones de bajo suministro de P, y que presentaron mayor absorción de P en suelos están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

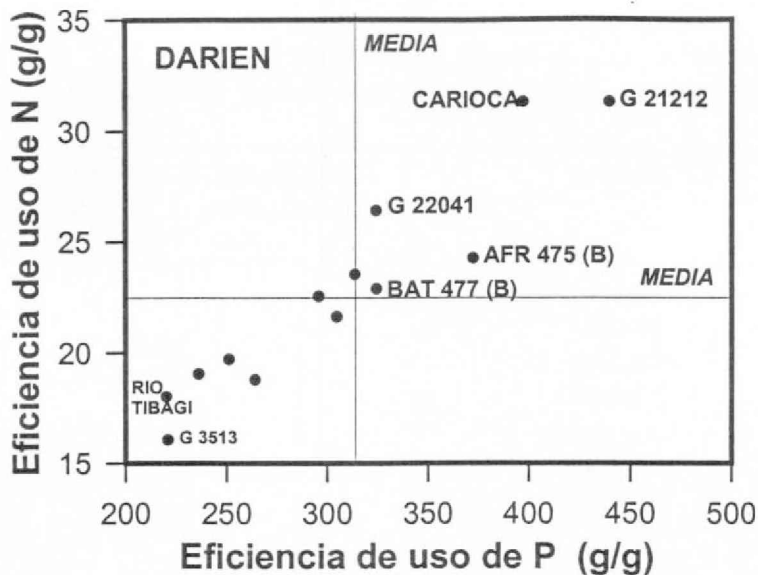


Figura 12. Identificación de genotipos con mayor eficiencia de uso de N y de P para producir mayor rendimiento de semilla cuando se cultivan en suelos con bajo P en Darién. Los genotipos más eficientes en el uso de N y de P están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

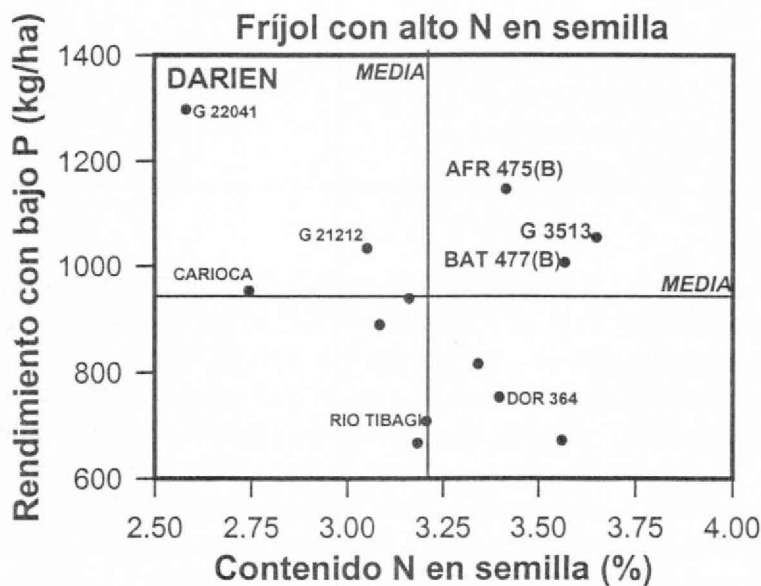


Figura 13. Identificación de genotipos que combinan un rendimiento de semilla superior con un mayor contenido de N en la semilla, cuando se cultivan en suelos con bajo contenido de P en Darién. Los genotipos que presentaron un mayor rendimiento de grano y mayor contenido de N en la semilla están identificados en el recuadro superior derecho, (B) = línea mejorada.

Cuadro 23. Diferencias genotípicas en demanda de **P** para producir una tonelada de grano de frijol, cultivado en suelos con bajo contenido de **P** en Darién.

Genotipo	Origen	Número de experimentos	Absorción aérea de P/rendimiento (kg P/t de grano)
AFR361NN	Andino	1	11.04
AND 774	Andino	1	5.82
CAL 125	Andino	1	5.11
CAL 149	Andino	2	6.78
CALIMA	Andino	1	7.66
G14665	Andino	2	5.12
G19833	Andino	2	5.62
G19839	Andino	1	3.38
Tostado	Andino	1	5.72
AFR 475	Mesoamericano	1	2.99
BAT 477	Mesoamericano	2	3.58
BAT 477NN	Mesoamericano	1	4.80
BAT 881	Mesoamericano	2	4.34
Carioca	Mesoamericano	2	3.14
DOR 364	Mesoamericano	2	4.14
DOR 364NN	Mesoamericano	1	3.41
G19227A	Mesoamericano	2	4.12
G 21212	Mesoamericano	2	2.86
G 22041	Mesoamericano	1	3.20
G 2402	Mesoamericano	1	4.35
G 3513	Mesoamericano	2	4.86
Rio Tibagi	Mesoamericano	1	4.30

Conclusiones: Con base en la evaluación de campo durante dos estaciones de cultivo en un suelo con bajo contenido de P, se identificaron tres genotipos de frijol (AFR 475, BAT 477, G 22041) sobresalientes en rendimiento de semilla, tanto en bajo como en alto suministro de P al suelo. Estos estudios de campo indican que la variación genotípica en adaptación del frijol común, a condiciones de bajo suministro de P en el suelo, se relaciona con la capacidad para tomar P para mantener la expansión foliar durante el llenado de vainas. La absorción de P y de N estaba estrechamente relacionada con el rendimiento de grano; estos son los dos factores principales que contribuyen a la adaptación genética del frijol a suelos con bajo contenido de P. También se encontró que es posible desarrollar genotipos de frijol eficientes en el uso de P y que combinen un mayor rendimiento de grano con una concentración muy alta de N en los mismos. [I. M. Rao, J. Ribet, S. Beebe, J. Drevon y J. Ricaurte]

1.3.1.2 Identificación de genotipos de frijol tolerantes a aluminio y eficientes en el uso de nutrimentos

- La evaluación en campo, de 77 genotipos en dos localidades, dio lugar a la identificación de cuatro líneas mejoradas (A 774, VAX 1, FEB 190 y FEB 192) tolerantes a toxicidad de aluminio, así como a dos accesiones (G 3513 y G 21212) y dos líneas mejoradas (VAX 1 y BAT 477) tolerantes a bajo suministro de nutrientes, especialmente fósforo y micronutrientes.

Justificación: Las principales limitaciones relacionadas con la fertilidad del suelo en la producción de frijol en el trópico son la baja disponibilidad de P y N y la toxicidad de Al y Mn, asociados con un pH bajo en el suelo. La toxicidad de Al en el subsuelo es un grave problema y realizarle enmienda con cal no es solamente difícil sino también demasiado costoso para los agricultores con escasos recursos. Investigación anterior indicó una variación genotípica significativa en el rendimiento de semilla de frijol cuando fue cultivado en suelos con niveles tóxicos de Al. Estas diferencias genotípicas en rendimiento de semilla podrían estar relacionadas con diferencias en tolerancia a Al, en absorción de nutrientes y utilización de nutrientes para el transporte de fotoasimilados para el desarrollo de las semillas. Los genotipos adaptados a suelos con niveles tóxicos de Al son capaces de tomar macro y micronutrientes esenciales en un ambiente de bajo pH y alto contenido de Al. Se realizaron estudios de campo en las estaciones experimentales de Quilichao (990 m.s.n.m.; Oxisol-Plinthic Kandiudox) y Popayán (1750 m.s.n.m.; Inceptisol-Typic Dystropept) para identificar genotipos de frijol tolerantes a Al y eficientes en el uso de nutrientes.

Materiales y métodos:

Quilichao. Se evaluó un grupo de 77, genotipos incluyendo accesiones de germoplasma y líneas mejoradas, en su adaptación a condiciones de suelo ácido con baja fertilidad. Estos materiales se sembraron en dos ensayos (uno látice y el otro en bloques completos al azar). Se seleccionó un total de 20 genotipos (10 de cada experimento) como muestra para identificar atributos de la planta para adaptación a condiciones de suelo ácido con baja fertilidad. Se aplicaron dos niveles de fertilizante (alto y cero). En las parcelas que recibieron una aplicación alta de fertilizante (AF), el P se aplicó en banda (40 kg/ha) en forma de superfosfato triple y se hicieron dos aplicaciones foliares de úrea (1 kg/ha). No se aplicaron nutrientes en las parcelas sin aplicación de fertilizante (SF). Los datos de caracterización de suelos de las parcelas SF mostraron niveles tóxicos de Al (66% de saturación de Al) y Mn (de 8 a 10 ppm) intercambiables y baja disponibilidad de Ca (1.4 cmol/kg) y Mg (0.51 cmol/kg), mientras que la disponibilidad de P fue más que suficiente para el crecimiento y desarrollo de las plantas. Las parcelas con tratamiento AF mostraron niveles tóxicos de Mn (de 14 a 21 ppm) con niveles muy bajos de Al intercambiable.

Popayán. Los dos ensayos en Quilichao se replicaron en Popayán, con los mismos genotipos y aplicaciones de fertilizante. Los datos de caracterización del suelo indicaron una baja disponibilidad de P (5 ppm) en las parcelas SF y deficiencia de ciertos microelementos (Mn, Cu, Zn y B) en los tratamientos SF y AF. Estas deficiencias de microelementos fueron el resultado de las aplicaciones repetidas de cal durante varios años.

Resultados y discusión:

Quilichao. Entre los 77 genotipos evaluados, sobresalieron A 774, VAX 1, FEB 190 y FEB 192 por su adaptación a condiciones de suelo con toxicidad de Al. El rendimiento de grano de A 774 fue 60% mayor que el de un genotipo ampliamente adaptado, Carioca, con tratamiento SF (Figura 14). La relación entre el rendimiento de grano SF y el rendimiento de grano con AF indicaron que A 774, VAX 1 y FEB 190 se adaptan a aplicaciones bajas y altas de fertilizantes (Figura 15). Con el tratamiento SF, el genotipo FEB 190 presentó un mayor valor de índice de área foliar (Figura 16), debido principalmente a la capacidad que tiene este genotipo para reducir la absorción de Al hacia las hojas (datos sin presentar). Los genotipos que se adaptaron a condiciones de suelo con toxicidad de Al también presentaron mayor capacidad para tomar Ca y Mg del tratamiento SF (Cuadro 24). Dos accesiones de germoplasma, G 22263 y G 21212, mostraron mayor capacidad para tomar Ca y Mg con el tratamiento SF. El grado en que disminuyó el rendimiento medio de semilla con el tratamiento SF, en comparación con el tratamiento AF, fue similar al observado para la absorción de Ca y Mg. Esta observación indica la importancia de la absorción de Ca y Mg en el rendimiento de semilla cuando se cultiva en suelos con niveles tóxicos de Al.

Entre los tres genotipos que presentaron el mejor desempeño con el tratamiento SF, sobresalió FEB 190, el cual combinó un mayor rendimiento de semilla con un alto contenido de N en la semilla (Figura 17). Parece que esta línea avanzada no solo es tolerante a niveles tóxicos de Al en el suelo, sino también capaz de movilizar una mayor proporción de N desde tejido aéreo hacia las semillas en desarrollo. La línea avanzada A 774 tuvo mejor desempeño que FEB 190 en rendimiento de semilla con el tratamiento SF, pero estuvo por debajo de FEB 190 en cuanto a contenido de N en la semilla (Figura 17).

Popayán. Entre los 77 genotipos evaluados, G 3513, G 21212, BAT 477 y G 18479 sobresalieron por su adaptación al bajo suministro de P (Figura 18). Entre estos genotipos, G 3513 presentó un mayor valor de índice de área foliar en condiciones de bajo suministro de P (Cuadro 25). Un genotipo andino, G 19833, presentó una adaptación deficiente a esta localidad y, por consiguiente, produjo una cantidad muy pequeña de granos, independientemente del nivel de aplicación de fertilizante. Con el tratamiento AF, el rendimiento de grano varió entre 1257 kg/ha y 3726 kg/ha, mientras que con el tratamiento SF el rango fue de 381 kg/ha a 1639 kg/ha. Con el tratamiento SF, el rendimiento de grano de G 3513 fue mayor que el genotipo ampliamente adaptado Carioca. La relación entre rendimiento de grano con el tratamiento SF y rendimiento de grano con el tratamiento AF indicó que VAX 1 presentó el mejor desempeño en ambas condiciones de insumo (Figura 19). Con el tratamiento SF, sobresalieron tres genotipos (G 3513, G 18479 y G 21212) por su capacidad para absorber P y producir mayores rendimientos de semilla (Figura 20).

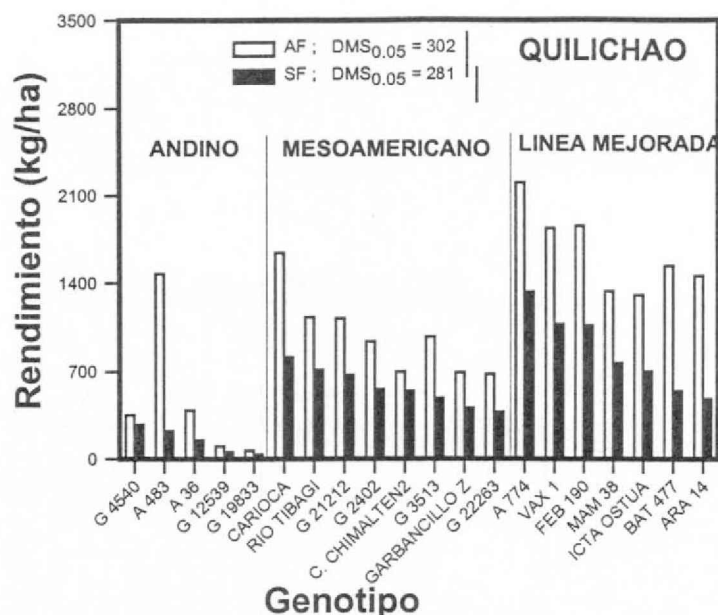


Figura 14. Variación genotípica en la adaptación al suelo con toxicidad de Al en Quilichao. SF= sin aplicación de fertilizante; AJF= aplicación alta de fertilizante

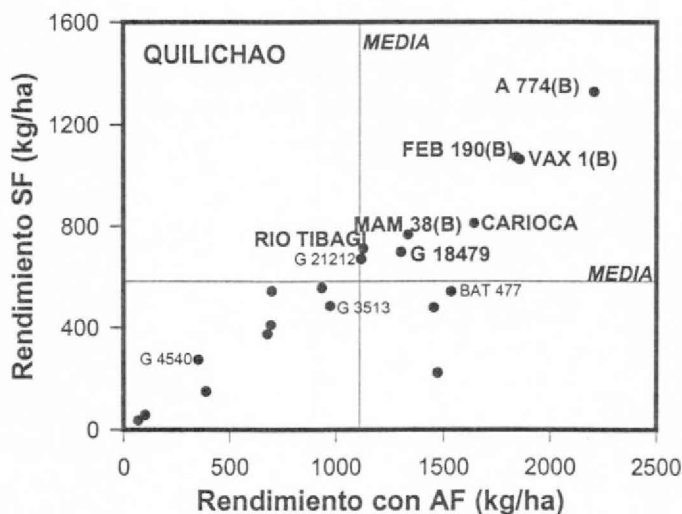


Figura 15. Identificación de genotipos que se adaptan a suelos con toxicidad de Al y con respuesta a la aplicación de cal y a los insumos de P en un Oxisol en Quilichao. Los genotipos que produjeron rendimientos muy altos sin aplicación de fertilizante (SF) y que también presentaron respuesta a la aplicación alta de fertilizante (AF) están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

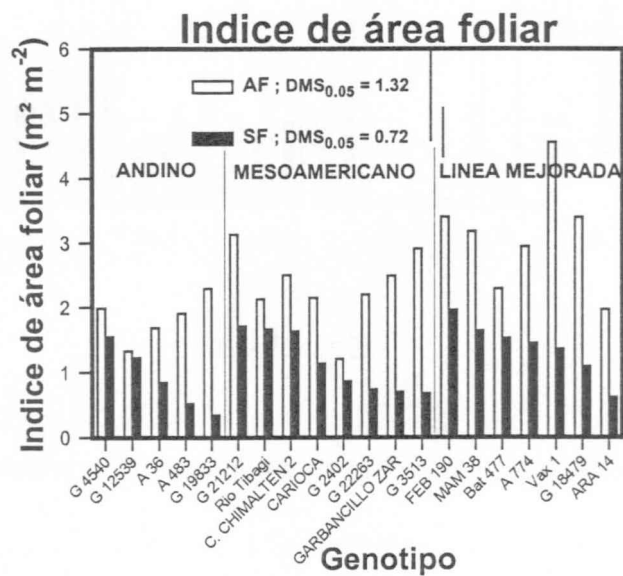


Figura 16. Variación genotípica en el índice de área foliar de 20 genotipos de frijol cultivados en un Oxisol en Quilichao. SF = sin aplicación de fertilizante; AF = aplicación alta de fertilizante.

Cuadro 24. Diferencias en rendimiento de grano y a la absorción de Ca y de Mg de 20 genotipos de frijol cultivados sin aplicación de fertilizante (SF) y con aplicación alta de fertilizante (AF) en un Oxisol en Quilichao.

Genotipo	Origen	Rendimiento (kg/ha)		Absorción Ca (kg/ha)		Absorción Mg (kg/ha)	
		SF	AF	SF	AF	SF	AF
G 4540	A (NG)	274	352	7.06	10.63	1.78	3.73
A 483	A (NG)	223	1473	2.40	13.78	0.48	2.22
A 36	A (NG)	149	389	3.92	10.53	1.14	2.57
G12539	A (NG)	57	101	9.26	13.54	2.42	3.96
G19833	A (NG)	36	68	1.18	10.73	0.46	3.31
Carioca	M (MA)	812	1642	6.02	12.48	1.27	2.83
Rio Tibagi	M (MA)	712	1129	10.16	14.47	1.91	3.04
G 21212	M (MA)	671	1118	13.73	23.48	2.71	5.97
C . chimalt. 2	M (MA)	545	697	8.58	12.58	2.22	3.78
G 3513	M (MA)	487	973	5.70	13.65	1.29	3.57
G 22263	M (MA)	375	677	20.16	17.13	3.43	3.87
G 2402	M (D)	558	935	7.06	11.75	1.10	2.40
Garb. Zarco	M(J)	410	692	4.65	17.01	0.79	3.58
A 774	Línea mejorada	1328	2203	9.44	17.00	1.71	3.49
VAX 1	Línea mejorada	1071	1839	7.17	27.71	1.14	5.96
FEB 190	Línea mejorada	1061	1857	8.63	19.95	1.50	4.65
MAM 38	Línea mejorada	767	1335	8.26	21.41	2.28	6.25
ICTA OSTUA	Línea mejorada	699	1303	7.77	24.97	1.48	5.02
BAT 477	Línea mejorada	544	1535	8.96	17.55	1.90	3.27
ARA 14	Línea mejorada	481	1454	4.77	18.08	0.98	3.86
Media		573	1094	7.48	16.29	1.55	3.85
DMS(P = 0.05)		281	302	11.00	10.00	1.89	2.46

SF = sin fertilización; AF = alta fertilización; NS = no significativo.

A = Andino; M = Mesoamericano; NG = Nueva granada; MA = Mesoamérica; D = Durango; J = Jalisco.

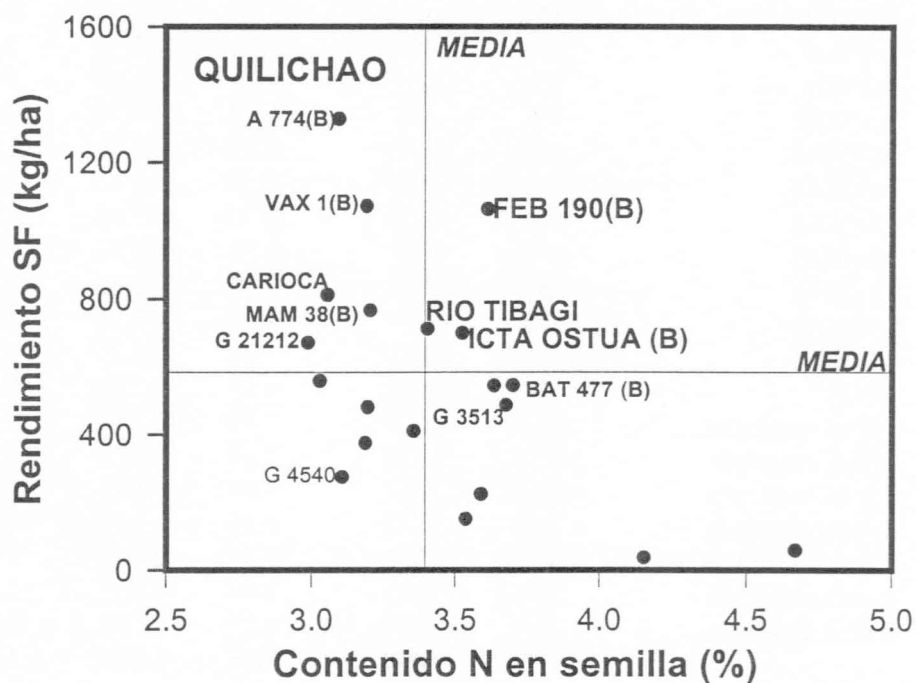


Figura 17. Identificación de genotipos que combinan alto rendimiento de semilla con mayor contenido de N en la semilla, cuando se cultivan sin aplicación de fertilizante (SF) en un Oxisol en Quilichao. Los genotipos que presentaron rendimiento de grano muy alto y mayores contenidos de N en la semilla están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

Cuadro 25. Diferencias en el rendimiento de grano, en la absorción de Ca y de Mg de 20 genotipos de frijol cultivados sin aplicación de fertilizante (SF) y con aplicación alta de fertilizante (AF) en un Inceptisol en Popayán.

Genotipo	Origen	Rendimiento (kg/ha)		Índice área foliar (m ² / m ²)		Contenido N en semilla (%)	
		SF	AF	SF	AF	SF	AF
A 36	A (NG)	1005	2295	1.69	3.73	3.97	3.75
A 483	A (NG)	943	1257	0.74	1.01	3.83	
G12539	A (NG)	528	1643	1.27	2.28	4.46	4.19
G19833	A (NG)	381	1390	0.90	3.13	4.10	
G 4540	A(NG)	919	2093	1.82	2.96	3.86	3.94
C . chimalten 2	M (MA)	590	2234	0.36	3.70	4.18	4.37
Carioca	M (MA)	1066	2348	0.70	2.48	3.99	3.99
G 21212	M (MA)	1573	2737	1.97	2.13	3.52	3.54
G 22263	M (MA)	637	1506	0.97	1.38	3.75	3.72
G 3513	M (MA)	1639	2516	2.56	2.38	3.99	
Rio Tibagi	M (MA)	1062	1983	1.02	2.05	3.86	3.64
G 2402	M (D)	778	2246	0.05	0.92	3.77	3.74
Garb. Zarco	M(J)	953	1585	0.58	2.71	3.95	4.07
A 774	Línea mejorada	837	2043	0.79	2.13	4.07	4.06
ARA 14	Línea mejorada	1458	2014	1.18	2.78	3.53	3.72
BAT 477	Línea mejorada	1602	2915	1.22	3.19	4.40	4.28
FEB 190	Línea mejorada	733	3445	0.47	2.89	4.41	4.27
G 18479	Línea mejorada	1551	2618	1.97	1.85	3.96	4.20
MAM 38	Línea mejorada	968	3247	0.92	2.65	4.12	3.97
VAX 1	Línea mejorada	1405	3726	1.25	3.41	3.92	3.66
Mean		1009	1967	1.07	2.52	3.98	3.96
DMS (P=0.05)		798	833	0.86	1.50	0.46	0.32

SF = sin fertilización; AF = alta fertilización; NS = no significativo.

A = Andino; M = Mesoamericano; NG = Nueva granada; MA = Mesoamérica;

D = Durango; J = Jalisco.

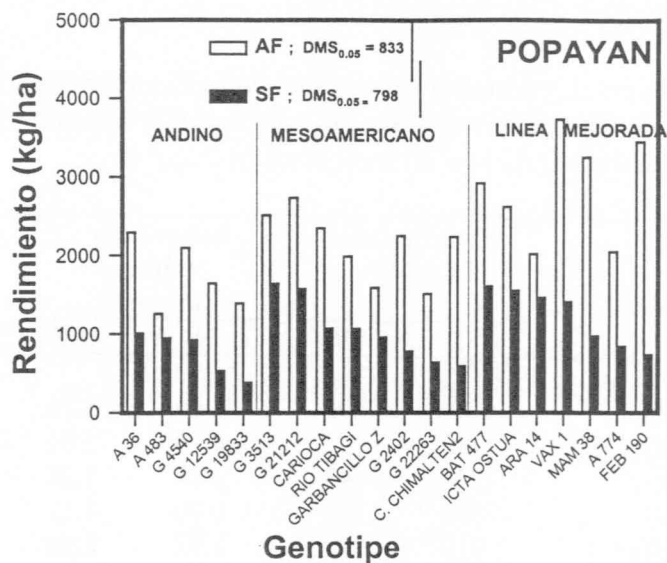


Figura 18. Variación genotípica en adaptación al bajo suministro de nutrientes en un Inceptisol de Popayán. SF = sin aplicación de fertilizante; AF = aplicación alta de fertilizante.

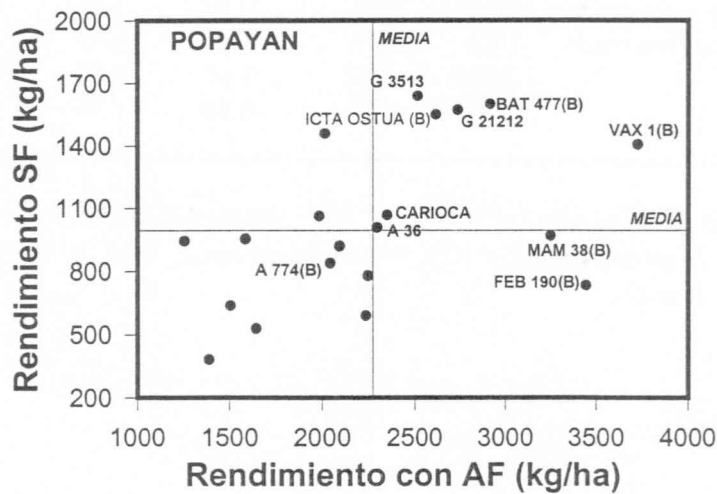


Figura 19. Identificación de genotipos adaptados al bajo suministro de nutrientes en el suelo y con respuesta a la aplicación de cal e insumos fosfatados en un Inceptisol de Popayán. Los genotipos que presentaron los mayores rendimientos sin la adición de insumos y que también respondieron a la aplicación de insumos están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

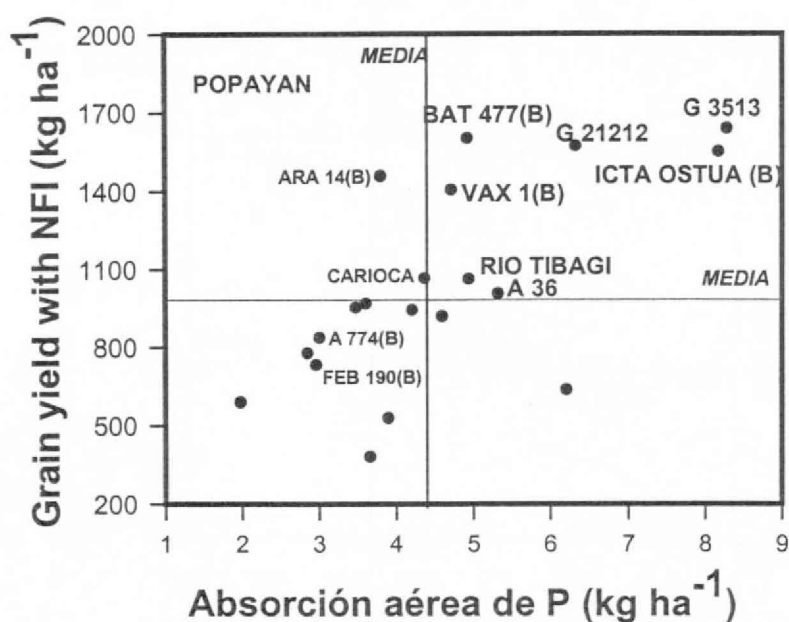


Figura 20. Identificación de genotipos que toman P del suelo con baja oferta de este elemento en un Inceptisol de Popayán. Los genotipos que produjeron mayores rendimientos sin aplicación de fertilizante (SF) y que presentaron también mayor absorción de P en suelos con baja oferta de este elemento están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

Sobresalieron tres genotipos (ARA 14, G 21212 y A 774) por su capacidad para combinar una mayor eficiencia de uso de N y de P (Figura 21). Entre estos tres genotipos, ARA 14 fue especialmente sobresaliente en el uso eficiente tanto de N como de P. Pero este genotipo fue inferior a los otros dos respecto a rendimiento de semilla. Entre los 20 genotipos evaluados respecto a su contenido de N en la semilla con el tratamiento SF, sobresalió BAT 477 por combinar un mayor rendimiento de semilla con un alto contenido de N en la semilla (Figura 22). Se identificaron cuatro líneas mejoradas (ARA 14, A 774, VAX 1 y BAT 477) como genotipos con una menor demanda de P por unidad de rendimiento de semilla (Cuadro 26).

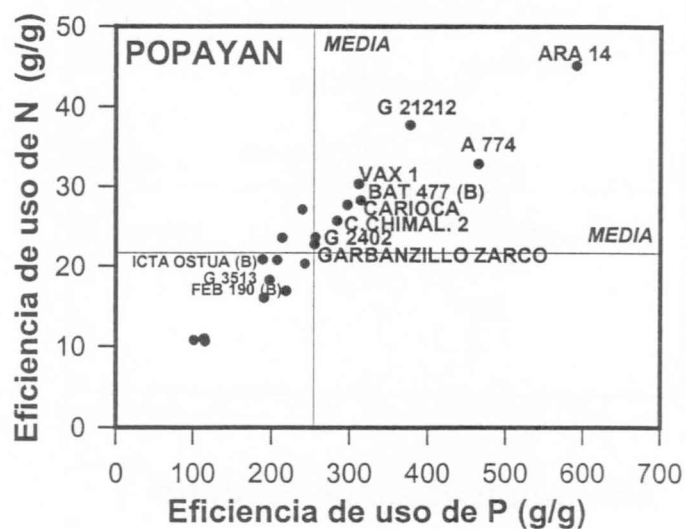


Figura 21. Identificación de genotipos que son eficaces en el uso de N y P para producir un mayor rendimiento de semilla cuando se cultivan en suelos con baja oferta de P en Popayán. Los genotipos que fueron eficientes en el uso de N y P están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

Cuadro 26. Diferencias en la demanda de P para producir una tonelada de grano, entre 20 genotipos de frijol cultivados sin aplicación de fertilizante (SF) y con una aplicación alta de fertilizante (AF) en un Inceptisol de Popayán.

Genotipo	Origen	Absorción de P por rendimiento de grano (kg P/t)	
		SF	AF
A 36	A (NG)	5.29	4.65
A 483	A (NG)	4.55	5.18
G12539	A (NG)	12.33	9.06
G19833	A (NG)	10.53	6.52
G 4540	A (NG)	4.90	4.79
C . chimalten 2	M (MA)	4.63	5.27
Carioca	M (MA)	5.14	3.74
G 21212	M (MA)	4.58	3.84
G 22263	M (MA)	10.79	7.35
G 2402	M (D)	4.40	4.30
G 3513	M (MA)	5.12	3.63
Garb. Zarco	M(J)	3.97	8.10
Rio Tibagi	M (MA)	5.74	4.12
A 774	Línea Mejorada	3.07	4.48
ARA 14	Línea Mejorada	2.91	6.21
BAT 477	Línea Mejorada	3.93	4.82
FEB 190	Línea Mejorada	5.46	3.26
G18479	Línea Mejorada	5.52	4.13
MAM 38	Línea Mejorada	5.79	3.43
VAX 1	Línea Mejorada	3.41	4.01

SF = sin fertilización; AF = alta fertilización; NS = no significativo.

A = Andino; M = Mesoamericano; NG = Nueva granada; MA = Mesoamérica;

D Durango; J = Jalisco.

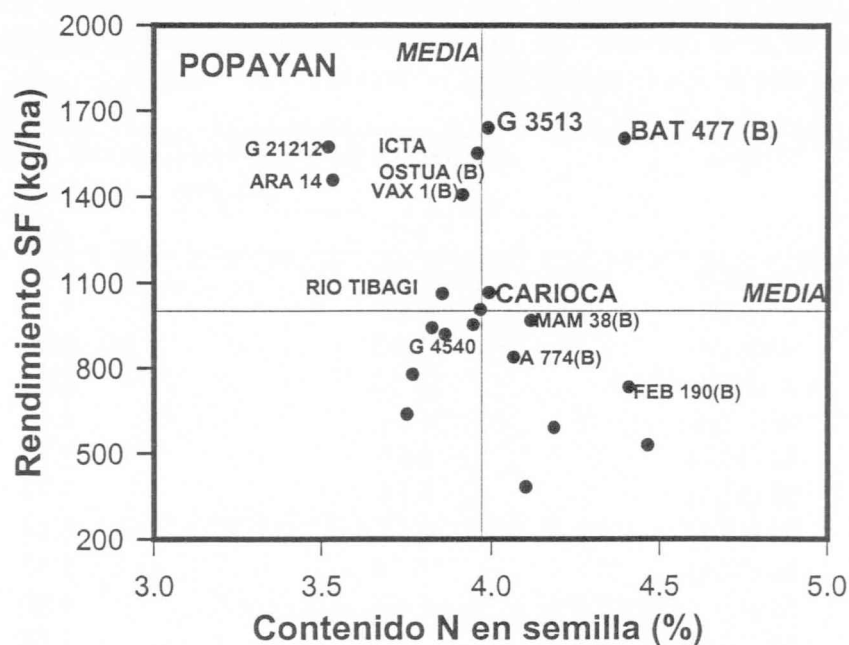


Figura 22. Identificación de genotipos que combinan un rendimiento muy alto de semilla con un mayor contenido de N en la semilla cuando se cultivan sin aplicación de fertilizante (SF) en un Inceptisol de Popayán. Los genotipos que presentaron un rendimiento de grano alto y un mayor contenido de N en la semilla están identificados en el recuadro superior derecho. (B) = línea mejorada.

Conclusiones: Los resultados de este estudio de campo en Quilichao indican la superioridad de cuatro líneas mejoradas (A 774, VAX 1, FEB 190 y FEB 192) respecto a su tolerancia de aluminio en comparación con varios cultivares y germoplasma de frijol. Por tanto, es posible mejorar la tolerancia a Al del frijol. Se identificaron dos accesiones de germoplasma (G 3513 y G 21212) y dos líneas mejoradas (BAT 477 y VAX 1) como genotipos adaptados genéticamente a las condiciones de bajo suministro de P y de micronutrientes en los suelos de Popayán. Una de las líneas mejoradas (VAX 1) presentó una buena respuesta a aplicaciones altas de fertilizante en función del rendimiento de semilla. Se identificó un sitio en el campo en Quilichao para evaluar tolerancia a condiciones de estrés causado por suelos ácidos (alto contenido de Al, alto contenido de Mn, contenidos bajos de P, N, Ca y Mg). Este sitio ayudará a identificar y desarrollar genotipos de frijol para suelos ácidos de baja fertilidad del trópico, donde la toxicidad de Al y la baja disponibilidad de P son las dos principales limitaciones para la producción de frijol. [I. Rao, S. Singh, J. Ricaurte y H. Terán]

1.3.2 Estudio fisiológico de tolerancia a sequía

1.3.2.1 Identificar los atributos de la planta para tolerancia a sequía, empleando genotipos contrastantes

- El estudio en invernadero usando minirrizotrones reveló que los siguientes caracteres fisiológicos podrían estar relacionados con la tolerancia a sequía en frijol: el contenido foliar de N, el contenido foliar de K y la relación entre longitud de la raíz y peso seco de la hoja.

Justificación: Se ha demostrado que existe variación genética en la adaptación a la sequía entre cultivares de frijol. El mejor rendimiento en condiciones de sequía puede asociarse con los sistemas radicales mejores de los cultivares tolerantes a sequía. Las raíces desempeñan una función importante en la distribución de materia seca y en la extracción de nutrientes y humedad del suelo. El mayor crecimiento de las raíces de plantas de frijol en condiciones de estrés por humedad se relaciona con su nivel de tolerancia a la sequía. La eficiencia de uso de agua (EUA) es una característica importante en los ambientes deficientes en agua. Algunos investigadores que trabajan con otras leguminosas de grano (por ejemplo, el maní y la soya) han encontrado correlaciones negativas entre la EUA y el área foliar específica (AFE) y también entre la EUA y el contenido de ceniza en las hojas. Esto indica que los genotipos que transpiran más por unidad de materia seca producida (menor EUA) pueden tener concentraciones mayores de minerales en la materia seca de la hoja.

Aparte del mayor crecimiento de las raíces, el déficit de agua induce comúnmente la acumulación de carbohidratos no estructurales en las hojas y los tallos de las plantas resistentes a la sequía. Es importante identificar los caracteres de la parte aérea que se relacionan con la adaptación a la sequía, con el fin de desarrollar índices de selección para evaluar genotipos de frijol. Un mejor conocimiento de los caracteres de la parte aérea asociados con la tolerancia a la sequía puede reducir la necesidad de realizar mediciones de la raíz, una tarea que implica mucho trabajo.

A partir de esta perspectiva, se realizó un estudio de invernadero en CIAT, Palmira, cuyo objetivo principal fue examinar la influencia del nivel de estrés por déficit hídrico en el desarrollo de la raíz y de la parte aérea y encontrar los caracteres fisiológicos que están relacionados con la adaptación del frijol a la sequía. Los objetivos específicos fueron: (i) determinar las diferencias en el desarrollo de la raíz y los brotes en relación con el estrés por déficit hídrico entre genotipos tolerantes y susceptibles seleccionados; (ii) identificar los atributos fisiológicos de la planta relacionados con la tolerancia a sequía; y (iii) comparar el desempeño en rendimiento de los diferentes genotipos en condiciones de estrés y relacionarlos con las propiedades de tolerancia a la sequía.

El estudio probó tres hipótesis: (1) la mayor adaptación a condiciones de sequía de los genotipos seleccionados se relaciona con el mayor número de hojas y la producción de área foliar; (2) la capacidad para producir mayor área foliar se relaciona con el desarrollo de un sistema radical eficaz, que permite tomar mayores cantidades de agua durante el estrés por déficit hídrico; y (3) el mantenimiento de una concentración constante de minerales en la

corriente de transpiración contribuirá a una mayor eficiencia de uso del agua, debido a la acumulación de los carbohidratos no estructurales por unidad de área foliar.

Materiales y métodos: Se emplearon cuatro genotipos en el estudio de invernadero: SEA 5, TR 7791-26, A 750 y Apetito. El primero y el último se consideran tolerantes a sequía mientras que TR 7791-26 y A 750 se consideran susceptibles a la sequía. Apetito pertenece a la raza Durango, SEA 5 y TR 7791-26 (línea hermana de SEA 5) son líneas mejoradas interraciales mientras que A 750 es del tipo Flor de Mayo.

En el invernadero, las plantas se cultivaron en cajas con suelo (minirrizotrones), una planta por caja (40 x 20.2 x 2 cm) y se impusieron tres niveles de riego en tres repeticiones, que se mantuvieron durante todo el experimento. Los tratamientos para inducir el estrés por sequía fueron: un suministro completo de agua (hasta capacidad de campo, CC), uno moderado (60% de CC) y uno bajo de agua (30% de CC). El ensayo se organizó en un diseño de bloques completos al azar.

Los principales parámetros medidos fueron crecimiento de la planta, producción y distribución de materia seca, asignación de nutrimentos, acumulación de carbohidratos no estructurales en las estructuras vegetativas y rendimiento y sus componentes. Durante todo el período de crecimiento, se midieron las diferentes características de la parte aérea y las raíces a intervalos semanales. Estas características incluían la producción de biomasa aérea, la eficiencia fotoquímica y el desarrollo de raíces. Las plantas se cosecharon cuando alcanzaron la madurez fisiológica (65 días). Se midió tanto el área foliar como la longitud total de raíz. Además, se determinó el contenido de nutrimentos y de ceniza, la producción y distribución de materia seca, y la acumulación de carbohidratos no estructurales en las hojas y los tallos. Se calculó el área foliar específica, la longitud específica de raíz, la biomasa total de la parte aérea de la planta y las relaciones entre parte aérea y raíces.

Resultados y discusión: Uno de los métodos comunes para evaluar cultivares para resistencia a la sequía es comparar los rendimientos en condiciones de riego con los obtenidos en condiciones de déficit hídrico. El número de vainas por planta se considera como uno de los componentes más importantes del rendimiento. La sequía afectó negativamente el número de vainas y el número de semillas. Se encontraron diferencias genéticas entre los cuatro genotipos. El rendimiento en función del número de semillas/planía fue mayor para Apetito y menor para A 750. No hubo ninguna diferencia significativa entre SEA 5 y su línea hermana, TR 7791-26.

El déficit hídrico redujo el rendimiento de vainas y de semilla y la producción total de materia seca (Cuadro 27). En condiciones de estrés severo (30% de CC), SEA 5 y Apetito presentaron un mayor rendimiento de semilla. Este desempeño sobresaliente de Apetito y SEA 5 en condiciones de sequía pudo deberse a su capacidad para producir más estructuras reproductivas que hojas, en contraposición al genotipo A 750. Sólo en condiciones de extrema sequía tanto SEA 5 como Apetito tuvieron mayor peso seco de la semilla que TR 7791-26 y A 750. El mayor peso seco de la semilla de los genotipos tolerantes puede atribuirse a su mayor capacidad para movilizar fotoasimilados desde las hojas hacia las semillas.

Cuadro 27. Efecto del estrés por déficit hídrico en las diferencias genotípicas de características de crecimiento de la planta, a los 65 días de la siembra.

Genotipo	Nivel de estrés hídrico	Peso seco total por planta (g)	Biomasa raíz por planta (g)	Longitud raíz por planta (m)	Producción vainas por planta (mg)	Rendimiento Por Planta (mg)
SEA-5	Control	6.7	0.75	51	0.60	0.38
TR 7791-26		6.8	0.65	47	0.60	0.58
Apetito		7.4	1.20	39	0.74	0.66
A 750		7.0	0.55	-	0.54	-
SEA-5	Moderado	4.8	0.45	40	0.56	0.50
TR 7791-26		4.8	0.25	33	0.44	0.44
Apetito		4.4	0.30	24	0.58	0.44
A 750		3.3	0.40	32	0.24	0.0
SEA-5	Severo	2.3	0.30	23	0.38	0.35
TR 7791-26		1.9	0.18	16	0.44	0.22
Apetito		2.4	0.21	21	0.44	0.38
A 750		1.6	0.25	21	0.0	0.0

Control = capacidad de campo; Moderado = 60% de capacidad de campo;
Severo = 30% de capacidad de campo.

El estrés hídrico moderado (60% de CC) no mostró ninguna diferencia entre los genotipos tolerantes a la sequía y los susceptibles a la misma; en cambio, el estrés severo (30% de CC) sí lo hizo. En condiciones de estrés severo por humedad, Apetito mostró el mejor desempeño, seguido por SEA 5. La línea avanzada (A 750) presentó el rendimiento más bajo de semilla y la eficiencia de uso del agua más deficiente en condiciones de sequía. La línea hermana de SEA 5 (TR 7791-26) también mostró niveles marcadamente mayores de N y K en las hojas que SEA 5 (Cuadro 28).

Cuadro 28. Efecto del estrés por déficit hídrico en las diferencias de genotipos respecto al crecimiento de las hojas y el estado nutricional, a los 65 días de la siembra.

Genotipo	Nivel de estrés hídrico	Peso seco de hojas por planta (g)	N en hoja (%)	K en hoja (%)	Ceniza en hoja (%)
SEA-5	Control	2.05	1.85	0.80	13.5
TR 7791-26		1.45	2.30	1.30	17.5
Apetito		1.35	2.35	0.60	16.5
A 750		2.60	2.40	0.70	12.0
SEA-5	Moderado	1.45	1.80	0.70	17.0
TR 7791-26		1.25	2.25	1.15	17.5
Apetito		0.80	1.55	0.70	19.0
A 750		1.35	3.40	1.28	13.0
SEA-5	Severo	0.70	1.95	0.70	23.0
TR 7791-26		0.65	2.80	1.40	16.0
Apetito		0.60	1.28	0.45	21.0
A 750		0.79	3.10	1.45	21.0

Control = capacidad de campo; Moderado = 60% de capacidad de campo;
Severo = 30% de capacidad de campo.

Se encontraron correlaciones significativas entre los parámetros de la parte aérea y de las raíces de los genotipos seleccionados. El peso seco de la hoja estuvo altamente relacionado con el peso seco de la raíz ($r = 0.82$; $P < 0.01$). Esto nos lleva a una pregunta: ¿es un sistema radical grande responsable de un sistema más grande de parte aérea, como resultado de una mayor absorción de agua, o es un sistema radical grande un resultado de una mayor fotosíntesis por un sistema más grande de la parte aérea? La absorción de agua y el peso seco total de la hoja se correlacionaron significativamente ($P < 0.01$). La fotosíntesis es un proceso basado en el área, y los resultados de este estudio revelaron una correlación alta entre la absorción de agua y la longitud de raíz ($r = 0.78$) en vez de su peso ($r = 0.66$; $P < 0.01$). De igual manera, se encontró que el desarrollo del sistema radical (longitud total o su peso seco por planta) estaba marcadamente relacionado con el área foliar. Por consiguiente, la relación entre longitud de raíz y área foliar o entre longitud de raíz y biomasa de la parte aérea podría reflejar el equilibrio funcional entre la absorción de agua y la acumulación de materia seca. Esto significa que la alta relación entre longitud de raíz y unidad de área foliar o entre longitud de raíz y peso unitario de la parte aérea puede caracterizar a los genotipos, los cuales tienen mayor probabilidad de tolerar el estrés por sequía al tomar más agua por unidad de parte aérea.

Se encontró una correlación alta ($r = 0.83$; $P < 0.01$) entre área foliar y longitud de raíz. La longitud de raíz se asoció en forma significativa ($P < 0.01$) con la cantidad de agua extraída del suelo. Sin embargo, la relación entre longitud de raíz y peso seco unitario de la hoja, en lugar de la longitud de raíz sola, parecía estar relacionada con la tolerancia a la sequía. En condiciones de sequía, la longitud específica de la raíz fue mayor para los genotipos

**PROGRAMA COOPERATIVO REGIONAL DE FRIJOL PARA
CENTROAMERICA, MEXICO Y EL CARIBE**

PROFRIJOL

INFORME TECNICO ANNUAL - POA 1997-98

CIAT

STEPHEN E. BEEBE

CESAR CARDONA

FRANCISCO MORALES

IDUPULAPATI RAO

SHREE P. SINGH

Cali, Valle, Colombia, Abril 1998

CONTENIDO

Página

PROYECTO 1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESOAMERICANO	1
SUBPROYECTO 1.1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO NEGRO	
RESPONSABLE:	Shree P. Singh, César Cardona
SUBPROYECTO 1.2	MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO ROJO 11
RESPONSABLE:	Shree P. Singh, César Cardona
Actividad 1.1.1 y 1.2.1	Evaluación de padres 2
	• Evaluación de germoplasma para fuentes de genes Necesarios (S. P. Singh) 2
	• Fuentes y mecanismos de resistencia a insectos (C. Cardona) 2
Actividad 1.1.2 y 1.2.2	Obtención de cruzas por selección gamética (S.P. Singh)
	• Pirimidación de fuentes de resistencia a la mancha angular (MA) 3
	• Mejoramiento para resistencia a bacteriosis común (BC) 4
Actividad 1.1.3	Desarrollo de líneas 6
	Mejoramiento de cultivares (S. P. Singh)
	• Mejoramiento de frijol negro pequeño por resistencia múltiple a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico 6
	Resistencia múltiple a insectos y enfermedades (C. Cardona) 6
Actividad 1.2.3	Mejoramiento de caracteres específicos (S.P. Singh) 12
	• Tolerancia de la baja fertilidad del suelo (TBFS) 12
	• Tolerancia al estrés hídrico (TEH) 12
	Mejoramiento de cultivares 13
	• Mejoramiento de frijol rojo pequeño por resistencia múltiple a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico 13
SUBPROYECTO 1.3.	TOLERANCIA A ESTRES ABIOTICO, NEGROS Y ROJOS 14
RESPONSABLE:	I.Rao
Actividad 1.3.1	Estudio fisiológico de tolerancia a bajo P 15
Actividad 1.3.2	Estudio fisiológico de tolerancia a sequía 38

RESULTADO R.1. Se han desarrollado variedades y líneas de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, Empoasca, mancha angular, FBN, baja fertilidad, sequía o altas temperaturas).

PROYECTO 2. MEJORAMIENTO GENETICO DE FRIJOL ANDINO

CARIBEÑO

48

SUBPROYECTO 2.1 Desarrollo de líneas y variedades con resistencia a limitantes bióticas

RESPONSABLE: Shree P Singh

Actividad 2.1.1	Desarrollo de cruzamientos con resistencias múltiples	49
	• Mejoramiento de frijol Andino de grano grande con resistencia múltiple a factores bióticos y abióticos	49
Actividad 2.1.2	Apoyo a NARs	49
	• Distribución de padres donantes y poblaciones segregantes, y Asistencia Técnica	49
	• Adiestramiento y Asistencia a Reuniones	49

RESULTADO R.2. Se han desarrollado poblaciones segregantes con genes de resistencias a enfermedades y plagas

PROYECTO 3. AMPLIACION DE LA BASE GENETICA Y ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA

50

SUBPROYECTO 3.2. Caracterización de la Diversidad Patogénica

RESPONSABLE: F. J. Morales

Actividad 3.2.1	Evaluación de padres potenciales	51
	• Mosaico Severo (BSMV)	51
	• Mosaico Dorado (BGMV)	51
Actividad 3.2.2	Selección por resistencia	52
	• Mosaico Severo (BSMV)	52
	• Mosaico Dorado (BGMV)	52
Actividad 3.2.3	Desarrollo de líneas	53
Actividad 3.2.4	Apoyo a NARs en diagnóstico de virus	54

SUBPROYECTO 3.3. Apoyo a los Programas de Mejoramiento 55

RESPONSABLE: S Beebe

Actividad 3.3.1	Completar mapa genético con más marcadores	
	• Creación del mapa genético	55
	• Marcación de los caracteres de la raíz en la población de DOR 364 x G19833	55
	• Marcación de los genes de la mancha angular de la hoja y de la antracnosis	59
	• Mapeo de genes para BGMV	59
Actividad 3.3.2	Seleccionar marcadores en poblaciones	60
	• Desarrollo de un Sistema para MAS (Selección Asistida por Marcadores)	60

RESULTADO R.3. Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a los principales factores bióticos y se caracterizó la diversidad de los patógenos del frijol.

PLAN OPERATIVO ANUAL 1997-1998**PROYECTO 1.** MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESO AMERICANO**SUBPROYECTO 1.1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO NEGRO****RESPONSABLE:** Shree P. Singh, César Cardona

RESULTADO R.1. Se han desarrollado variedades y líneas de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, Empoasca, mancha angular, FBN, baja fertilidad, sequía o altas temperaturas).

ACTIVIDADES S.I.I	METAS	PRESUPUESTO
1.1.1 Evaluación de padres	Evaluar VIPADOGEN por 6 enfermedades	2,000
1.1.2 Obtención de cruzas por selección gamética	1000 familias seleccionadas para Centroamérica	8,000
1.1.3 Desarrollo de líneas		
1.1.3.1 Evaluar líneas para Empoasca y brúchidos y Apion	800 líneas evaluadas	3,500
1.1.3.2 Selección para resistencia a hongos y bacterias	3000 líneas evaluadas	11,000
PRESUPUESTO TOTAL S.I.I		24,500

Actividades 1.1.1 y 1.2.1 Evaluación de padres

Evaluación de germoplasma para fuentes de genes necesarios

(S. P. Singh)

Esta actividad fue realizada conjuntamente para las necesidades de mejoramiento genético de frijoles Mesoamericanos negros y rojos, y también para mejoramiento de los frijoles Andinos para Panamá y los países del Caribe. Fueron evaluadas más de 200 accesiones de germoplasma promisorio y más de 150 líneas mejoradas en viveros separados para bacteriosis común, mancha angular, antracnosis, baja fertilidad de suelo y estrés hídrico. Las 120 entradas más sobresalientes fueron incluidas para aumento de semilla, libres de patógenos para ser distribuidas a los países miembros de PROFRIJOL en 1998. Además, algunas fueron utilizadas en cruzamientos para cada tipo de grano comercial.

Fuentes y mecanismos de resistencia a insectos

(C. Cardona)

La búsqueda de fuentes nuevas de resistencia a las principales plagas del frijol es una actividad continua del equipo de Entomología de Frijol. En 1997, se examinaron más de 1200 genotipos para conocer su resistencia al saltahojas. Una accesión del germoplasma (G23630A) y las líneas de frijol A 686, SEA 11, SEA 13, SEA 14, San Cristóbal 83, A132, MAR 1 y BAT 304 fueron seleccionadas por su resistencia como progenitores potenciales para incorporar resistencia múltiple. Los resultados de la selección de la colección básica por resistencia al saltahojas se presentarán en 1998.

Los estudios sobre fuentes y mecanismos de resistencia a los brúquidos continuaron con la evaluación de 294 accesiones silvestres de *Phaseolus vidgaris* de México. G 24348, G 24345A, G 50365 y G 50375 fueron resistentes al gorgojo mexicano del frijol, mientras que G50365 fue resistente al gorgojo del frijol. Las fuentes de resistencia al gorgojo mexicano del frijol registradas anteriormente, G 12981, G 12985, G 13029, G 11051, G 24582, G 24582A y G 24584, fueron purificadas respecto a niveles superiores de resistencia y se caracterizaron por la presencia de diferentes variantes de arcélina. Se terminó la caracterización de la arcélina 7 como una variante nueva de la proteína (ver Informe Anual de Frijol, 1996) y se han publicado los resultados (ver lista de publicaciones).

G 23517A y G 24383 se agregaron a la lista de fuentes nuevas de resistencia intermedia al gorgojo del frijol que podrían usarse en futuros bloques de cruzamientos. Además, se confirmó que el nivel de resistencia al gorgojo del frijol en la accesión G 40199 de *P. acutifolius* era muy alto cuando la accesión se evaluó en ensayos biológicos repetidos utilizando la técnica de la semilla artificial. Esto es importante, ya que este material se está utilizando para incorporar resistencia a los brúquidos en el proyecto de cruzamientos interespecíficos en colaboración con la Unidad de Investigación en Biotecnología.

Actividad 1.1.2 y 1.2.2 Obtención de cruzas por selección gamética (S. P. Singh)

Piramidación de fuentes de resistencia a la mancha angular (MA)

Después de finalizar la evaluación de 22,832 accesiones del banco de germoplasma de frijol común frente a un amplio rango de poblaciones de patógenos de *Phaeoisariopsis griseola*, el agente causal de la MA, y de concluir la identificación de varias docenas de fuentes altamente resistentes, era lógico iniciar la piramidación de dos o más fuentes de genes de resistencia. Por ello, en 1977 se realizaron 17 cruzamientos Fi de múltiples progenitores (Cuadro 1). Estos cruzamientos serán sometidos a evaluación, selección y desarrollo de líneas con los niveles más amplios y más altos de resistencia a la MA, una tarea cuya realización puede demorarse varios años.

Cuadro 1. Número de cruzamientos finales de frijol común, a partir de múltiples progenitores, realizados en el CIAT en 1997 para países miembro de PROFRIJOL, para mejoramiento de caracteres específicos y de cultivares.

Carácter o tipo mercadeable	Número de cruzamientos ^f
Mejoramiento de caracteres específicos	
Mancha angular	17
Bacteriosis común	7
Estrés hídrico	2
Baja fertilidad de suelo	5
Arquitectura de la planta	2
Resistencia múltiple	7
Mejoramiento de cultivares	
Rojos pequeños	44
Negros pequeños	46
Crema moteado	7
Rojos grandes	24
Rojos moteados	27
Total	188

f Cada cruzamiento comprendía dos o más cruzamientos de progenitores sencillos, dobles o múltiples.

Mejoramiento para resistencia a bacteriosis común (BC)

Este proyecto, que involucró hibridación interespecífica y piramidación de genes de resistencia a BC, se inició en 1989. Inicialmente se enfatizó la hibridación interespecífica entre frijol común (*Phaseolus vulgaris*) y frijol tepari (*P. acutifolius*), mediante el rescate de embriones. Aquí se informa brevemente de los avances logrados en el mejoramiento por resistencia a BC utilizando líneas derivadas de la hibridación interespecífica y de la piramidación de genes. También se indican los problemas encontrados. El Cuadro 2 resume la reacción a BC de líneas de frijol común provenientes de cuatro fuentes diferentes. Es evidente que se han logrado avances sustanciales con el transcurso del tiempo a través de la piramidación de diferentes fuentes de resistencia, y que algunas líneas XAN (antes de 1992) y VAX (después de 1992) desarrolladas en el CIAT poseen la más alta resistencia a BC. El desempeño de las líneas VAX 3, VAX 4 y VAX 6 es digno de mención especial porque su puntaje de BC en todas las partes de la planta fue < 2.5, donde 1 = inmune, sin ningún síntoma visible y 9 = severamente infectada.

Cuadro 2. Reacción de algunas líneas de frijol común obtenidas mediante piramidación de genes de resistencia de diferentes fuentes y evaluadas para bacteriosis común (BC) en CIAT-Quilichao, Colombia, de 1994 a 1997.

Identificación	Origen	Hábito de crecimiento	Semilla		Puntaje medio de BC [†]		
			Color	Tamaño	ASP	CQH	AMV
CAS 31	IAPAR	3	Pinto	Pequeño	5.0	8.0	-
WBB-20-1	UPR	1	Blanco	Pequeño	6.2	4.4	2.5
G 17341	CU	3	Pinto	Pequeño	3.6	3.2	2.3
XAN 263	CIAT	2	Rojo	Pequeño	2.8	2.8	4.0
XAN 309	CIAT	2	Rojo	Pequeño	2.9	2.7	2.5
XAN 332	CIAT	2	Rojo	Pequeño	4.4	3.6	2.5
VAX 3	CIAT	2	Rojo	Mediano	2.0	2.0	2.3
VAX 4	CIAT	3	Crema	Pequeño	1.5	2.4	2.3
VAX 6	CIAT	2	Rojo	Pequeño	1.8	2.0	2.3
ICA Pijao	ICA	2	Negro	Pequeño	8.7	8.9	8.0
DMS (0.05)					1.6	1.3	

† Media de tres evaluaciones con base en una escala de 1 = ningún síntoma visible a 9 = severamente infectado, utilizando ASP = aspersión, CQH = cuchilla quirúrgica en las hojas trifolioladas y AMV = agujas múltiples en las vainas.

í Testigo susceptible de frijol común.

Entre los principales problemas que enfrenta el mejoramiento por resistencia a BC está la inestabilidad de la resistencia. Hasta las líneas que poseen los más altos niveles de resistencia a BC se siguen segregando después de varias generaciones de autofecundación y de selección bajo intensa presión de BC (Cuadro 3). Además, se observa que en la medida en que aumenta el número de progenitores portadores de resistencia a BC en la combinación final de cruzamientos, también aumentan, en forma significativa, la frecuencia y los niveles de familias F_2 derivadas de F_1 que son resistentes a BC (Cuadro 4).

Cuadro 3. Variación observada para bacteriosis común (BC) entre plantas de las líneas de frijol común mejoradas por resistencia a BC, evaluadas en CIAT-Quilichao, Colombia, en 1997.

Identificación	Puntaje de bacteriosis común ^f
XAN 309	2, 3, 4, 5, 7
VAX 3	1, 2, 5, 7
VAX 6	1, 2, 3, 5, 6

^f Puntajes: 1 = ningún síntoma visible y 9 = hojas trifolioladas muy severamente infectadas, utilizando cuchilla quirúrgica.

Cuadro 4. Número de familias F_2 derivadas de F_1 resistentes, intermedias y susceptibles de poblaciones de frijol común que contienen cero, uno, dos o cinco progenitores resistentes a bacteriosis común (BC), y el rango y los valores medios de sus puntajes de BC, evaluadas en CIAT-Quilichao, Colombia, en 1997.

Identificación de la población	Progenitores resistentes a BC (no.)	Familias F_2 derivadas de F_1 (no.)				Puntajes de BC ^t	
		Resistente	Intermedio	Susceptible	Total	Rango	Medio
Catrachita/J1 17//A429EMP 473	0	0	0	29	29	7-9	8.0
Catrachita/RM35//G 17341/De Celaya	0	0	6	21	27	5-9	7.2
VAX2///A429/J117//G17341 /G3017 2	1	1	43	18	62	3-9	5.9
VAX 1 ///SEA7///XAN3 30/XAN2655/ PVPA9576-21/G17341	56	56	125	7	188	3-8	4.3

^t Calificado en una escala de 1 a 9 donde 1 = ningún síntoma visible y 9 = cubierta foliar muy severamente dañada, utilizando el método de aspersión.

Actividad 1.1.3 Desarrollo de líneas

Mejoramiento de cultivares (S. P. Singh)

Mejoramiento de frijol negro pequeño por resistencia múltiple a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico

Este proyecto está dirigido al mejoramiento de cultivares de frijol negro de semilla pequeña para los países miembro de PROFRIJOL. Se desarrollaron 46 poblaciones de múltiples progenitores, interraciales y entre acervos de genes (Cuadro 1), que contienen genes útiles de resistencia a cuatro o más factores bióticos y abióticos. Cada vez han sido mayores el germoplasma parental y las poblaciones segregantes que se han enviado a los mejoradores de los programas nacionales de América Central, México y el Caribe (Cuadro 5). También se evaluaron un gran número de familias F_3 y F_4 derivadas de F_i en CIAT-Quilichao respecto a BC y a MA, y en Popayán respecto a la antracnosis. Se hicieron cientos de selecciones de plantas individuales en familias promisorias que poseían un tipo de semilla comercial adecuado y resistencia a múltiples factores para poder desarrollar líneas de frijol en 1998 y en los años siguientes.

Cuadro 5. Número de fuentes parentales de los genes necesarios y de las poblaciones segregantes (F_2 - F_4), distribuidas entre 1992 y 1997 a los países miembro de PROFRIJOL para el mejoramiento de cultivares.

Año	Progenitores	Poblaciones segregantes		
		Rojo	Negro	Total
1998*	120	23	31	54
1997	-	46	11	57
1996	145	-	19	19
1995	207	9	15	24
1994	208	12	18	30
1993	120	-	7	7
1992	120	11	12	23
Total	1020	101	113	214

* Disponibles para los países miembros y para los colaboradores de PROFRIJOL en las siembras de 1998.

Resistencia múltiple a insectos y enfermedades

(C. Cardona)

El trabajo sobre tres subproyectos importantes (resistencia combinada al saltahojas y al BGMV, selección de gametos por su resistencia al saltahojas y a algunas enfermedades, y resistencia múltiple a insectos) continuó en 1997. También se evaluaron materiales derivados de varios ciclos de selección recurrente. Al principio, 286 progenies F_3 derivadas de cruzamientos entre EMP 250 y algunos genotipos centroamericanos seleccionados (ver Informe de 1996) se evaluaron por su

resistencia al saltahoja junto con 36 progenies F_4 que combinaban dos resistencias: al BGMV y al saltahoja. En total, 130 líneas F_4 , 6 líneas F_5 y 12 líneas avanzadas fueron seleccionadas. Cuando se evaluaron 121 líneas que combinaban resistencia al saltahoja y a una o más enfermedades (CBB, ANT, ALS, BCMV, BGMV) en condiciones de presión alta de insectos (6.4 ninfas/hoja), 4 poblaciones F_4 , 3 poblaciones F_5 y 12 líneas F_{10} fueron seleccionadas para pruebas de rendimiento en 1998.

Materiales de diferentes ciclos de selección recurrente fueron seleccionados por el fitomejorador por sus características comerciales (acervos de genes andinos). Estos se examinaron por su resistencia al saltahoja. Como resultado, 20 líneas F_5 , 20 F_7 y 5 F_8 derivadas de los ciclos XXIV a XXVI fueron seleccionadas para una evaluación adicional y para pruebas de rendimiento en 1998.

Los estudios sobre la incorporación de resistencia múltiple a los insectos recibieron atención especial en 1997. Tanto las selecciones iniciales de gametos como las selecciones de la descendencia de semillas individuales se examinaron por su resistencia al saltahoja y al gorgojo mexicano del frijol en la F_7 . Las selecciones que fueron resistentes a uno o a ambos insectos se enviaron a México para su evaluación en campos que presentaban niveles altos de infestación del picudo de la vaina del frijol, *Apion godmcmi*. Simultáneamente, se recibió y se evaluó en nuestro laboratorio un marcador basado en PCR, que desarrolló el Dr. N. Weeden en la Universidad de Cornell, para probar su ligamiento con la resistencia a *A. godmcmi*, con resultados positivos. El marcador es una SCAR que utiliza cebadores K16 y amplifica dos bandas. La banda de 1034 bp (Figura 1) es común entre las líneas de frijol de modo que puede ser utilizada para determinar si la amplificación funcionó. La banda de 922 bp es el marcador para detectar la resistencia a *A. godmcmi*. El número total de líneas que muestran resistencia al saltahoja, al gorgojo mexicano del frijol o a ambos se indica en el Cuadro 6. También se muestra allí el número total de líneas positivas para la presencia del marcador SCAR que detecta la resistencia a *Apion*. A la espera de datos sobre la evaluación de la resistencia al gorgojo de la vaina en México, se puede decir que, en general, se produjeron más líneas resistentes a insectos utilizando el método de selección de la descendencia de semillas individuales.

El desarrollo de un marcador confiable basado en PCR para la resistencia al picudo de la vaina es un suceso importante en la incorporación de resistencia a un insecto que no se presenta en Colombia. Probamos actualmente este marcador mediante el empleo de varias de las fuentes más conocidas de resistencia a *Apion* así como de selecciones F_1 de cruzamientos entre una fuente de resistencia a *Apion* (J-117) y diferentes genotipos centroamericanos. El marcador funcionó bien para Amarillo 154, DeCelaya, J-117, APN 18 y APN 107. No funcionó en los casos de APN 83, APN 166 y DICTA 105. La ausencia de la banda 922 en algunas de las líneas APN podría deberse a que estas líneas no están relacionadas con J-117 o que ha ocurrido un caso de recombinación (la distancia entre el marcador y el gen de resistencia no es bien conocida actualmente). Los resultados con materiales segregantes (Figura 2) son alentadores. Si la selección de marcadores en el CIAT se ajusta a los puntajes de resistencia obtenidos en América Central, se facilitará sustancialmente el mejoramiento por resistencia a esta plaga importante.

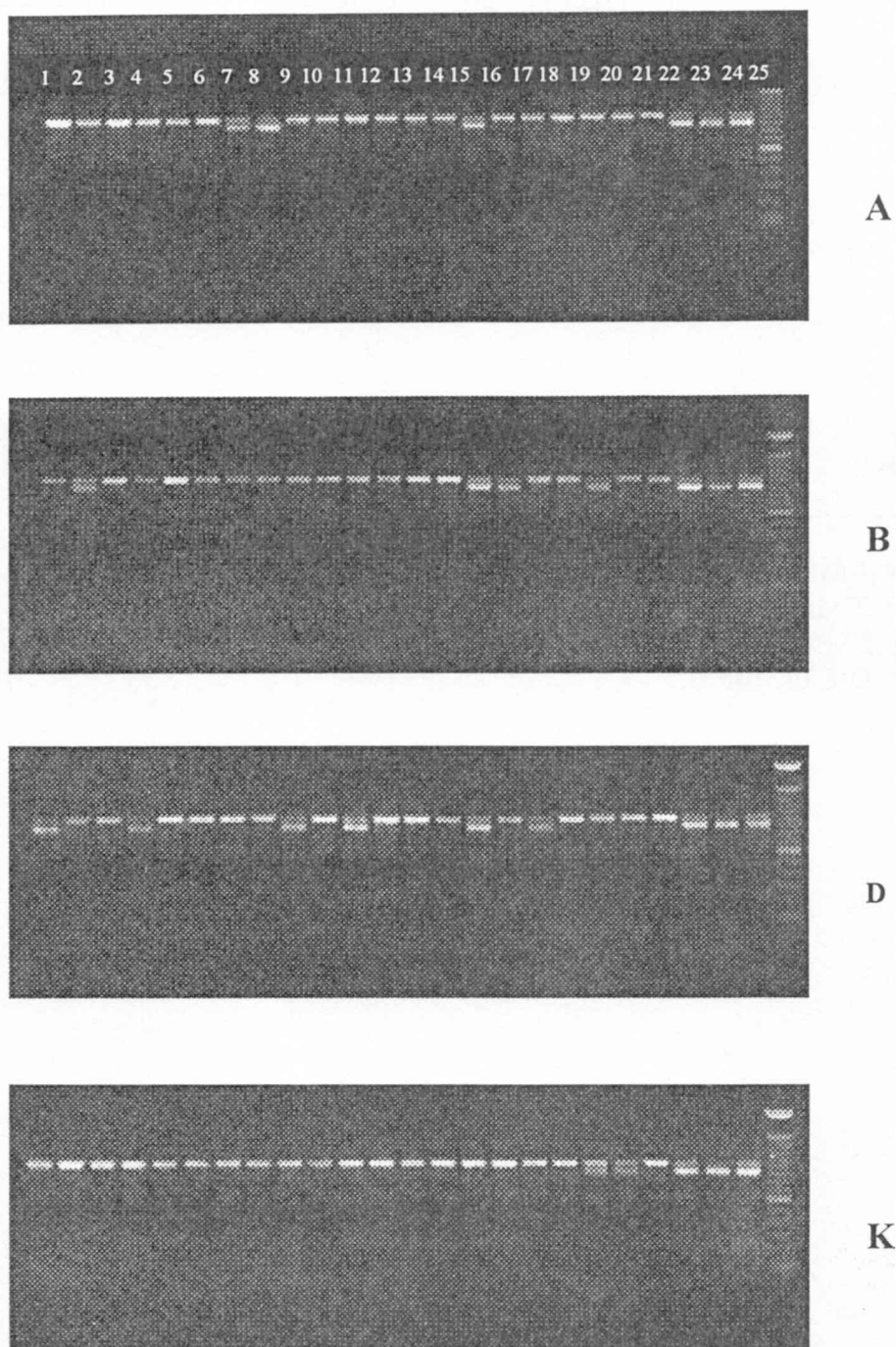


Figura 1. Pruebas SCAR basadas en PCR para obtener resistencia a *Apion godmani* en progenies de cuatro cruzamientos que combinan resistencia al saltahoja, al gorgojo mexicano del frijol y a *Apion*. Bahdas 1-21, progenies F₇; banda 22, Amarillo 154; banda 23, APN 18; banda 24, J-117; banda 25, marcador.

Cruzamiento A: (EMP 233 x Amarillo 154) x (RAZ 2 x EMP 268)

Cruzamiento B: (EMP 445 x RAZ 51) x (APN 18 x EMP 423)

Cruzamiento D: EMP 423 x A

Cruzamiento K: DICTA 105 x A

Cuadro 6. Número de líneas F₇ de frijol que presentan resistencia al saltahoja (SH), al gorgojo mexicano del frijol (GMF) o a ambos. Una comparación entre la selección temprana de gametos y la tardía SSD. También se muestra el número de líneas con reacción positiva a la presencia de un marcador SCAR para obtener resistencia al picudo de la vaina.

Cruzamiento'	Selecciones de gametos				Selecciones SSD			
	SH	GMF	Ambas	SCAR Apion	SH	GMF	Ambas	SCAR Apion
A	0	0	0	0	1	1	1	0
B	23	29	23	4	24	27	22	9
D	3	5	3	0	8	9	8	0
K	0	0	0	0	2	11	2	2

A = (EMP 233 x Amarillo 154) x (RAZ 2 x EMP 268)

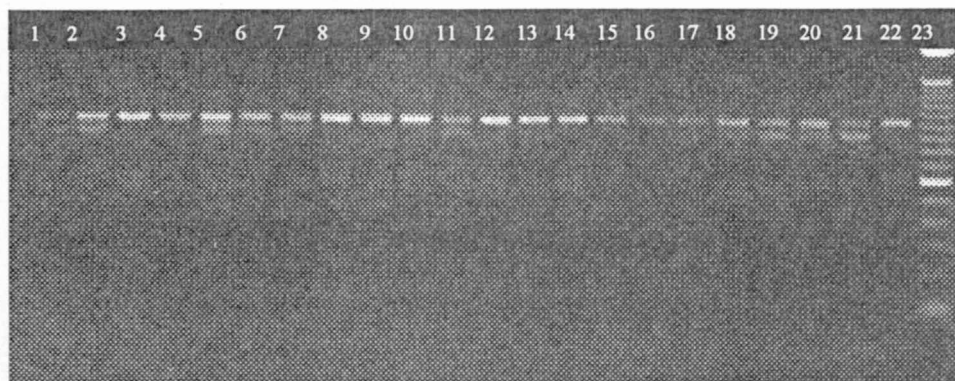
B = (EMP 445 x RAZ 51) x (APN 18 x EMP 423)

D = EMP 423 x A

K = DICTA 105 x A



A



B

Figura 2. Pruebas SCAR basadas en PCR para obtener resistencia a *Apion godmani* en progenies de dos cruzamientos que combinan resistencia a *Apion*, a la bacteriosis y al BGMV. Banda 1-20, progenies Fj; banda 21, J-117; banda 22, DOR 482; banda 23, marcador.

Cruzamiento A: ((XAN 252 x MAR 1)Fj x (DOR 482 x J-1 17)F₁)F₁)

Cruzamiento B: ((MAM 38 x G 17341[^] x (J-117 x XAN 15[^]FOFj

PLAN OPERATIVO ANUAL 1997-1998**PROYECTO 1. MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESO AMERICANO****SUBPROYECTO 1.2. MEJORAMIENTO DE FRIJOL GRANO ROJO****RESPONSABLE:** Shree P. Singh, César Cardona

RESULTADO R.1. Se han desarrollado variedades y líneas de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, Empoasca, mancha angular, FBN, baja fertilidad, sequía o altas temperaturas).

ACTIVIDADES S.1.2	METAS	PRESUPUESTO
1.2.1 Evaluación de padres	Evaluar VIPADOGEN por 6 enfermedades	2,000
1.2.2 Obtención de cruzas por selección gamética	500 familias seleccionadas para Centroamérica	8,000
1.2.3 Desarrollo de líneas		
1.2.3.1 Evaluar líneas para Empoasca y brúchidos y Apion	300 líneas evaluadas	3,500
1.2.3.2 Selección para resistencia a hongos y bacterias	3000 líneas evaluadas	11,000
PRESUPUESTO TOTAL S.1.2		24,500

Actividad 1.2.3 Desarrollo de líneas

Mejoramiento de caracteres específicos (S. P. Singh)

Tolerancia de la baja fertilidad del suelo (TBFS)

En 1997 se desarrollaron cinco poblaciones de cruzamientos dobles entre razas y entre acervos de genes (Cuadro 1). Cada cruzamiento involucró a uno o más progenitores con TBFS de las razas Mesoamérica o Jalisco (o de ambos). Estas poblaciones se someterán a evaluación en el campo y a selección para TBFS en los próximos años.

Tolerancia al estrés hídrico (TEH)

En 1997 se evaluaron más de 125 familias F₃ y F₄ derivadas de F₂., en cada una de las tres poblaciones contrastantes, en ensayos repetidos en ambientes con y sin estrés hídrico, en CIAT-Palmira. Todos fueron cruzamientos dobles que involucraban cuatro progenitores, de los cuales un cruzamiento involucró a cuatro progenitores con TEH; los otros dos cruzamientos sólo tuvieron dos progenitores con TEH cada uno. Con base en el rango y en el rendimiento promedio en los dos ambientes (Cuadro 7), es evidente que, a medida que aumenta el número de fuentes de progenitores con TEH en la población, su desempeño promedio en condiciones de estrés hídrico aumenta en forma correlativa. Además, la reducción porcentual debida al estrés hídrico aumenta a medida que disminuye el número de progenitores con TEH en el cruzamiento. Por tanto, los mejoradores interesados en seleccionar respecto a los niveles más altos de TEH deben trabajar en poblaciones interraciales que involucren el máximo número de progenitores con TEH.

Cuadro 7. Rango y media para familias F₃ y F₄ derivadas de F_i en tres poblaciones contrastantes de frijol común, en condiciones de estrés hídrico y sin él, evaluadas en CIAT-Palmira en 1997.

Población	Progenitores con TEH (no.)	Rendimiento (kg/ha)			
		Con estrés hídrico		Sin estrés hídrico	
		Rango	Media	Rango	Media
SX 12008	4	794-1149	883	1702-3532	1985
SX 12009	2	489-758	545	1776-2752	2095
SX 12010	2	392-562	441	1807-2536	2039

Mejoramiento de cultivares

Mejoramiento de frijol rojo pequeño por resistencia múltiple a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico

Las estrategias de mejoramiento, que incluyen hibridación y desarrollo de poblaciones a partir de múltiples progenitores, evaluación y selección de estas poblaciones para desarrollar líneas de frijol, son muy similares a las que se utilizan para el frijol negro de semilla pequeña. Además, cada vez se enfatiza más la incorporación de precocidad y de un color de semilla más deseable (rojo claro) que generalmente no se oxida en genotipos de alto rendimiento que sean resistentes a múltiples tipos de estrés biótico y abiótico. En el Cuadro 1 se indica el número de poblaciones de múltiples progenitores, desarrolladas en 1997, para frijol rojo de semilla pequeña.

PLAN OPERATIVO ANUAL 1997-1998

PROYECTO 1. **MEJORAMIENTO DE FRIJOL MESOAMERICANO**

SUBPROYECTO 1.3. TOLERANCIA A ESTRES ABIOTICO, NEGROS Y ROJOS

RESPONSABLE: I Rao

RESULTADO R.I. Se han desarrollado variedades y líneas de frijol mesoamericano de valor comercial, con resistencia a mosaico común, mosaico dorado, bacteriosis común, más un factor adicional (Apion, mancha angular, FBN, baja fertilidad, sequía o altas temperaturas).

ACTIVIDADES S.1.3	METAS	PRESUPUESTO
1.3.1 Estudio fisiológico de tolerancia a bajo P	12 parámetros medidos en 20 genotipos para buscar mecanismos de tolerancia (1 ensayo)	6,000
1.3.2 Estudio fisiológico de tolerancia a sequía	10 parámetros medidos en 16 genotipos, 1 ensayo	6,000
PRESUPUESTO TOTAL S.1.3		12,000

Actividad 1.3.1 Estudio fisiológico de la tolerancia a bajo P

La disponibilidad de fósforo (P) en el suelo es una de las principales limitaciones para la producción de frijol común en el trópico. Alrededor del 60% del frijol de América Latina se cultiva en suelos con deficiencia de P, en los cuales el P aplicado como fertilizante se fija en formas que son relativamente menos disponibles para las plantas. En estos suelos que fijan P, la recuperación por los cultivos del fertilizante fosfatado aplicado rara vez excede el 25%. Es necesario reducir la dependencia que tienen los pequeños agricultores de aplicar fertilizantes fosfatados en grandes cantidades. Esta reducción puede lograrse mediante el desarrollo de germoplasma que tenga adaptación superior al bajo suministro de P del suelo y mantenga la respuesta de rendimiento al fertilizante fosfatado aplicado. La respuesta a una mayor oferta de P del suelo exige un suministro adecuado de N a la planta, ya sea mediante la fijación simbiótica del N₂ (FSN) o mediante el suministro de N mineral del suelo. Es importante recombinar genéticamente el potencial de FSN y la adaptación al bajo suministro de P del suelo en cultivares comerciales para aumentar y estabilizar los rendimientos del frijol común en los suelos tropicales fijadores de P.

Se han evaluado genotipos de frijol de hábitos de crecimiento I, II, III y IV de características contrastantes en condiciones de campo respecto a su tolerancia a baja disponibilidad de P en el suelo. Se encontró que la variabilidad genética para FSN era amplia y altamente significativa en condiciones de bajo y alto suministro de P del suelo. Se halló que la combinación tolerancia a bajo suministro de P más FSN no se correlacionaban con el potencial de FSN de un genotipo dado, lo que indica que los mecanismos específicos de eficiencia de uso del P (EUP) y de eficiencia de uso del N (EUN) prevalecen sólo cuando el suministro de P del suelo es bajo. La identificación de caracteres y mecanismos específicos de la planta que contribuyen a la adaptación al bajo suministro de P del suelo ayudará a seleccionar genotipos de frijol con mayores EUP y EUN cuando se cultivan en suelos que fijan P. El desarrollo de criterios de selección, tanto para la EUP como para la EUN, ayudará a identificar los QTL mediante marcadores moleculares y a incorporar los mecanismos de la EUP y la EUN en genotipos agrónomicamente deseables, dentro del programa de mejoramiento.

Se realizó un ensayo de campo en un Andisol que tenía bajo nivel de P en Darién, Valle, Colombia, para determinar las diferencias en la utilización de P y de N en acervos genéticos seleccionados de frijol común, en comparación con los cultivares comúnmente utilizados. Se probaron tres hipótesis: (i) la mayor adaptación de los acervos genéticos seleccionados al bajo suministro de P del suelo está relacionada con la mayor producción de área foliar, junto con la mayor capacidad para la fijación simbiótica de nitrógeno (FSN); (ii) la capacidad para producir mayor área foliar está relacionada con la producción de un sistema radical fino (mayor longitud específica de las raíces) que permite absorber mayores cantidades de P por unidad de longitud de raíz; y (iii) la eficiencia de uso del P o del N (g de semilla producida por g de P o de N absorbido) está relacionada con la removilización del P o del N desde las hojas más viejas hacia las más jóvenes.

El ensayo incluyó 20 genotipos de frijol: 12 Mesoamericanos (Carioca, DOR364, DOR364NN, G2402, G22041, AFR475, G3513, G21212, G19227A, BAT881, BAT477, BAT477NN) y ocho Andinos (Calima, CAL125, G19833, G14665, AFR361NN, AND774, CAL149, Tostado). Los genotipos NN son isolíneas cercanas no nodulantes de contrapartes que tienen el mismo código de línea. Los detalles sobre el origen, el hábito de crecimiento y el tamaño de la semilla de los 20 genotipos se presentan en el Cuadro 8. El ensayo se sembró en abril de 1997 como un látice rectangular de 4 x 5 (4 parcelas x 5 bloques) a dos niveles de P (bajo y alto) con tres repeticiones y un tamaño de parcela de 5 m x 3 m (5 hileras de 5 m de longitud con una distancia de 60 cm entre hileras y de 10 cm entre plantas). Para el tratamiento de bajo P, éste se aplicó en dosis de 10 kg ha⁻¹, mientras que para el tratamiento de alto P se aplicaron 60 kg ha⁻¹. Para el estudio se escogieron dos campos con bajo contenido de P y uno con alto contenido de P, situados uno junto al otro. Los análisis del suelo antes de la aplicación de P en los bloques con bajo y alto contenido de P indicaron que la disponibilidad de P en el campo que tenía bajo P fue de 1.8 ppm (Bray-II) a una profundidad del suelo de 0 a 10 cm, y de 1.6 ppm a una profundidad de 10 a 20 cm. A diferencia de los campos que tenían bajo contenido de P, la disponibilidad de P en campo con alto contenido de P fue alrededor de 10 ppm a una profundidad del suelo de 0 a 20 cm. La disponibilidad de otros macronutrientes era adecuada en los campos con bajo y alto contenido de P. Sin embargo, se aplicaron micronutrientes (Zn, Cu y Bo) mediante aspersión foliar (tres veces durante la época de cultivo) para eliminar posibles deficiencias. La semilla se inoculó con *Rhizobium* (CIAT 899) en la siembra. El ensayo se protegió para controlar plagas y enfermedades.

Se midieron varios atributos de la planta en las etapas de floración, en mitad del llenado de las vainas y en la madurez, para determinar la variación genotípica en la eficiencia de uso del P y del N. Entre estos atributos de la planta estaban la eficiencia fotoquímica del fotosistema II; los contenidos de clorofila y de proteína soluble en las hojas; el número de hojas y el área foliar por planta; la biomasa de la parte aérea; la distribución de la materia seca entre las partes de la planta; el P inorgánico, la fosfatasa ácida (F. ácida), el P y N totales en hojas viejas, maduras y jóvenes; los carbohidratos totales no estructurales (CTN) en tallos y en hojas viejas, maduras y jóvenes; el rendimiento de semilla y los componentes del rendimiento.

Cuadro 8. Origen, hábito de crecimiento y tamaño de semilla para los genotipos de frijol utilizados para el experimento de campo en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

Genotipo	Número de accesión CIAT	Origen ^a	Hábito de crecimiento ^b	Tamaño de la semilla (mg)
G14665	G20554	AN	III	424
Tostado		AN	I	478
CAL 149		AN	III	480
CAL 125		AN	I	420
G19833	G4494	AN	m	396
Y 774		AN	i	387
Calima		AN	i	468
AFR 361 NN		AN	ii	307
G22041	G4017	MA	IV	378
G 3513		MA	II	211
B AT 477		MA	HI	219
AFR 475		MA	II	192
G 21212		MA	HI	266
Carioca		MA	HI	241
G19227 A		MA	HI	238
BAT 881		MA	II	194
BAT 477 NN		MA	HI	231
DOR 364		MA	II	225
DOR 364 NN		MA	II	231
G 2402		MA	HI	396

a. AN = Andino; MA = Mesoamericano.

b. Los genotipos se agruparon por hábito de crecimiento: I = arbustivo determinado; II = arbustivo indeterminado, erecto; III = postrado indeterminado; IV = trepador indeterminado.

Rendimiento de grano. La respuesta del rendimiento de grano al suministro de P en un Andisol altamente fijador de P fue grande, lo que indica que la deficiencia de P es una limitación importante para la productividad del frijol (Figura 3). El rendimiento de grano mostró efectos grandes de genotipo, de suministro de P y de la interacción entre genotipo y suministro de P. El rendimiento en dos niveles de suministro de P (bajo versus alto) mostró una relación positiva ($r = 0.77$; $p < 0.05$). Se encontró que unos pocos genotipos (BAT477, G22041, AFR475) dieron rendimientos superiores en ambos niveles de suministro de P. El rendimiento de grano de los genotipos Mesoamericanos fue mayor que el de los genotipos Andinos, independientemente del suministro de P del suelo.

El rendimiento medio de grano de los genotipos Mesoamericanos con bajo suministro de P fue de 979 kg/ha, en comparación con 404 kg/ha de los genotipos Andinos. Tres genotipos Mesoamericanos, G22041, G3513 y BAT477, tuvieron el mejor desempeño teniendo bajo suministro de P del suelo. Dos genotipos, G14665 y Tostado, tuvieron el mejor desempeño entre los genotipos Andinos. Aunque el tamaño de la semilla de los genotipos Andinos era mayor, el

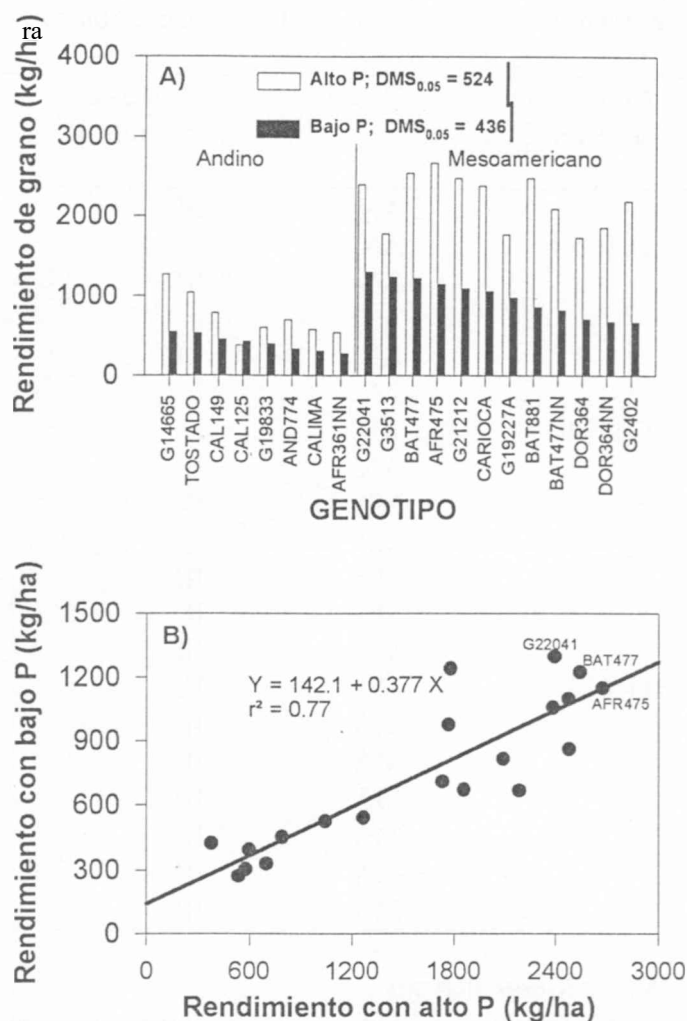


Figura 3. Influencia del bajo suministro de P del suelo en la variación genotípica del rendimiento de grano de frijol común cultivado en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

rendimiento de semilla de éstos fue inferior que el de los genotipos Mesoamericanos. Un factor importante que contribuyó a esta diferencia en el rendimiento de grano fue la susceptibilidad de varios genotipos Andinos a enfermedades como la pudrición radical, la mancha foliar angular (AFR361NN), el añublo causado por ascochyta (CAL 149) y la antracnosis (CAL 125, Calima). Dos genotipos Mesoamericanos que están genéticamente mejor adaptados al bajo suministro de P fueron también afectados por la antracnosis (G3513, BAT477).

Crecimiento y desarrollo del cultivo. La influencia del bajo suministro de **P** en el crecimiento y desarrollo del cultivo se indica en el Cuadro 9. Se observó una reducción marcada en el número de hojas por planta en los genotipos AND774 y DOR364. Uno de los genotipos Mesoamericanos, BAT881, fue sobresaliente en la producción de materia seca del dosel de follaje en condiciones de bajo suministro de **P**, pero tuvo un rendimiento de grano inferior. Entre los genotipos Andinos, G14665 fue sobresaliente en la producción de materia seca del dosel de follaje, en el número de hojas por planta y en el rendimiento de grano. Entre los 20 genotipos probados, G22041 fue sobresaliente en la duración relativa del llenado de vainas: (días a la madurez - días a floración) / días a la madurez x 100.

Cuadro 9. Influencia del bajo suministro de P en la variación genotípica manifestada en el número de hojas por planta y en el peso seco del dosel de follaje en la mitad de la etapa del llenado de las vainas, y en días a la floración, días a la madurez y rendimiento de grano de 20 genotipos de frijol común evaluados en Darién (Valle, Colombia) en 1997.^a

Genotipo	Días a la floración	Días a la madurez (%)	DRLV	Número de hojas por planta	Peso seco del dosel de follaje (kg/ha)	Rendimiento de grano (kg/ha)
G14665	43	84	49	11 (122)	1234(58)	542 (43)
Tostado	42	85	51	9(75)	742 (42)	525 (51)
CAL 149	43	85	49	10(100)	976 (69)	451(57)
CAL125	40	77	48	6(75)	563 (76)	422(117)
G19833	47	94	50	19(127)	851 (41)	392(66)
AND774	40	77	48	6(55)	499 (35)	328 (47)
Calima	36	72	50	9(82)	535 (87)	303(53)
AFR361NN	42	83	49	7(100)	1054(100)	272 (51)
G22041	39	85	54	17(61)	1279 (60)	1297 (54)
G3513	44	87	49	18(106)	1806 (64)	1240 (70)
BAT477	44	84	48	17(94)	1748 (60)	1223(48)
AFR475	44	85	48	13 (62)	1871 (42)	1145(43)
G21212	42	83	49	14(108)	1420 (44)	1095(44)
Carioca	44	85	48	14(78)	2051(68)	1055(44)
G19227A	47	92	49	17(77)	1220 (61)	975 (55)
BAT881	45	86	48	16(89)	2509 (68)	860 (35)
BAT477NN	44	87	49	14(78)	923 (32)	815(39)
DOR364	46	91	49	13 (57)	1217(61)	708 (41)
DOR364NN	46	88	48	15(83)	964 (33)	671 (36)
G2402	34	68	50	17(59)	604 (29)	666 (30)
Medio	43	84	49	13 (76)	1203 (53)	749 (46)
DMS	1	4		4	904	436

(P = 0.05)

a. Los números entre paréntesis indican valores como % de los valores altos de P.

DRLV = duración relativa del llenado de vainas: (días a madurez - días a floración) / días a madurez x 100.

Índice de área foliar. El bajo suministro de P redujo notablemente el índice de área foliar (área foliar por unidad de área de suelo) de los genotipos Mesoamericanos en comparación con el de los genotipos Andinos en la mitad de la etapa de llenado de las vainas (Figura 4A). Dos genotipos Mesoamericanos, G3513 y BAT 881, fueron sobresalientes en la producción de área foliar teniendo bajo suministro de P del suelo. La disminución del rendimiento de grano en condiciones de bajo suministro de P del suelo se relacionó estrechamente con una reducción en la producción de área foliar ($r^2 = 0.67$) en la mitad de la etapa de llenado de las vainas (Figura 4B). El rendimiento de grano en condiciones de alto suministro de P estuvo también estrechamente relacionado con el índice de área foliar en la mitad de la etapa de llenado de las vainas ($r^2 = 0.78$). Se observó variación genotípica significativa en el rendimiento de grano y en la producción de área foliar a ambos niveles de suministro de P del suelo.

Movilización del fósforo. La variación genotípica del contenido total de P en las hojas viejas, maduras y jóvenes (en floración), habiendo bajo y alto suministro de P en el suelo, se muestra en la Figura 5. La edad de las hojas afectó más a la concentración de P que cualquiera de los suministros de P del suelo o que el genotipo. Como era de esperarse, la edad de las hojas dio una relación negativa con el contenido de P, lo que indica una movilización acentuada del P de las hojas más viejas hacia las hojas maduras y jóvenes. Aunque el rendimiento promedio de semilla de los genotipos Mesoamericanos fue significativamente mayor que el de los genotipos Andinos, el valor medio del contenido de P en las hojas no difirió entre los dos acervos genéticos, independientemente de la edad de las hojas. Esta observación indica que el contenido total de P en las hojas no es un buen indicador de la adaptación genética al bajo suministro de P del suelo.

Se sabe que el aumento de la actividad de la fosfatasa ácida en las hojas (F. ácida) es una respuesta adaptativa al bajo suministro de P del suelo. Las mediciones de la actividad de la Fasa ácida de las hojas viejas, maduras y jóvenes (en floración) mostraron una variación genotípica significativa (Figura 6). En general, los genotipos Andinos presentaron mayor actividad de la enzima que los genotipos Mesoamericanos, a excepción de G19833 que mostró una actividad muy pequeña independientemente de la edad de las hojas. Las hojas jóvenes con mayor contenido de P también tuvieron mayor actividad de la fosfatasa ácida, lo que puede contribuir a la movilización del P hacia los granos durante el llenado de vainas. Podemos especular que la mayor actividad de la fosfatasa ácida en las hojas de los genotipos Andinos puede estar relacionada con una mayor relación tamaño de células/tamaño de vacuolas. Esta hipótesis necesita ser probada.

Carbohidratos totales no estructurales. Se observó variación genotípica significativa en el contenido de carbohidratos totales no estructurales (CTN) de las hojas viejas, maduras y jóvenes (en la floración) teniendo bajo o alto suministro de P del suelo (Figura 7). El bajo suministro de P incrementó notablemente el nivel de CTN de las hojas viejas y maduras de ciertos genotipos. En general, pocos genotipos que fueron sensibles al bajo suministro de P del suelo en términos del rendimiento de grano mostraron mayor acumulación de CTN en las hojas maduras, lo que indica una limitación del receptor para los productos de la fotoasimilación (Figura 7B). El genotipo Mesoamericano no nodulante (BAT477NN) acumuló más CTN en las hojas maduras y jóvenes que el genotipo nodulante (BAT477), indicando la importancia de los CNT en la manutención de la nodulación en el frijol común.

Un genotipo arbustivo indeterminado de origen Mesoamericano, BAT881, que produce cantidades muy grandes de área foliar en la mitad de la etapa de llenado de las vainas, acumuló también grandes cantidades de CTN en las hojas viejas, maduras y jóvenes. Esta acumulación de CTN en las hojas redujo el rendimiento de grano de este genotipo a pesar de que hubo alta producción de área foliar. Otro genotipo Mesoamericano, AFR475, produjo buenos rendimientos teniendo bajo suministro de P, y mostró niveles inferiores de CTN en las hojas viejas, maduras y jóvenes. Esta observación indica que AFR475 puede ser superior en su capacidad para movilizar los productos de la fotoasimilación para la producción de grano.

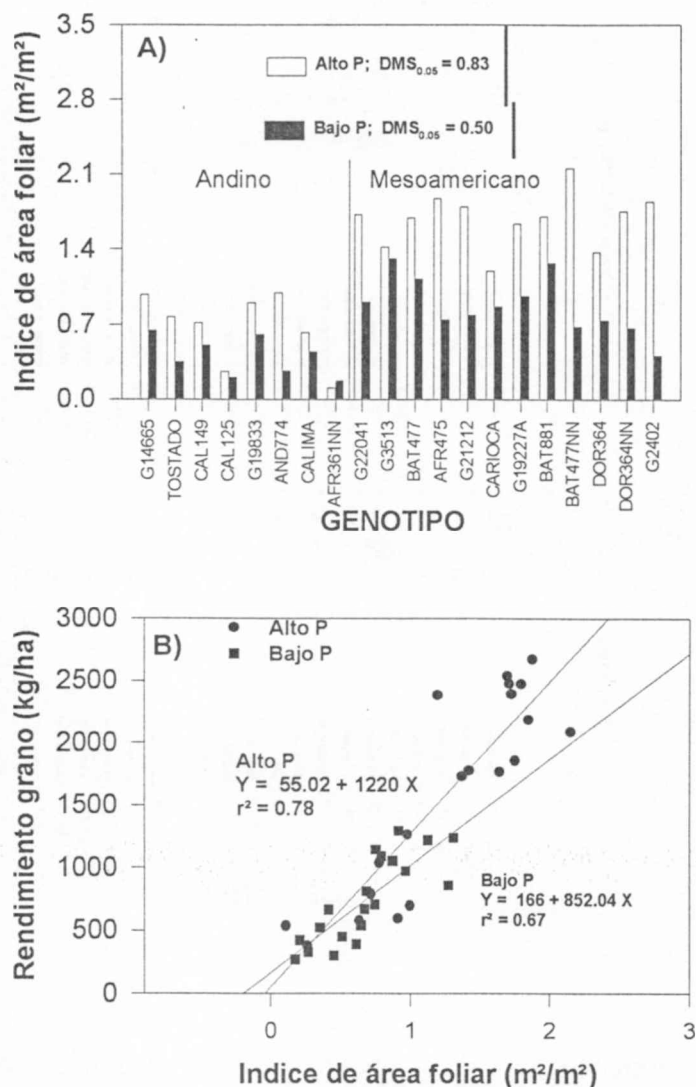


Figura 4. Influencia del bajo suministro de P del suelo en (A) la variación genotípica del índice de área foliar y en (B) la relación entre rendimiento de grano e índice de área foliar del frijol común cultivado en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

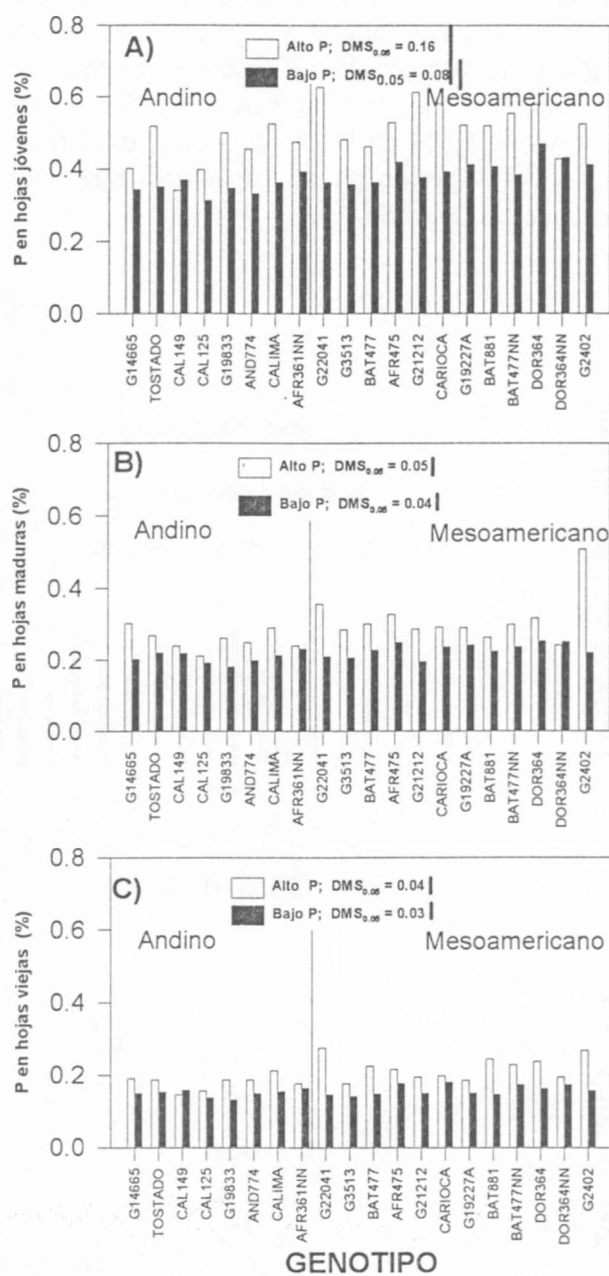


Figura 5. Influencia del bajo suministro de P en la variación genotípica del contenido total de P en hojas viejas, maduras y jóvenes (en la floración) de 20 genotipos de frijol común cultivado en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

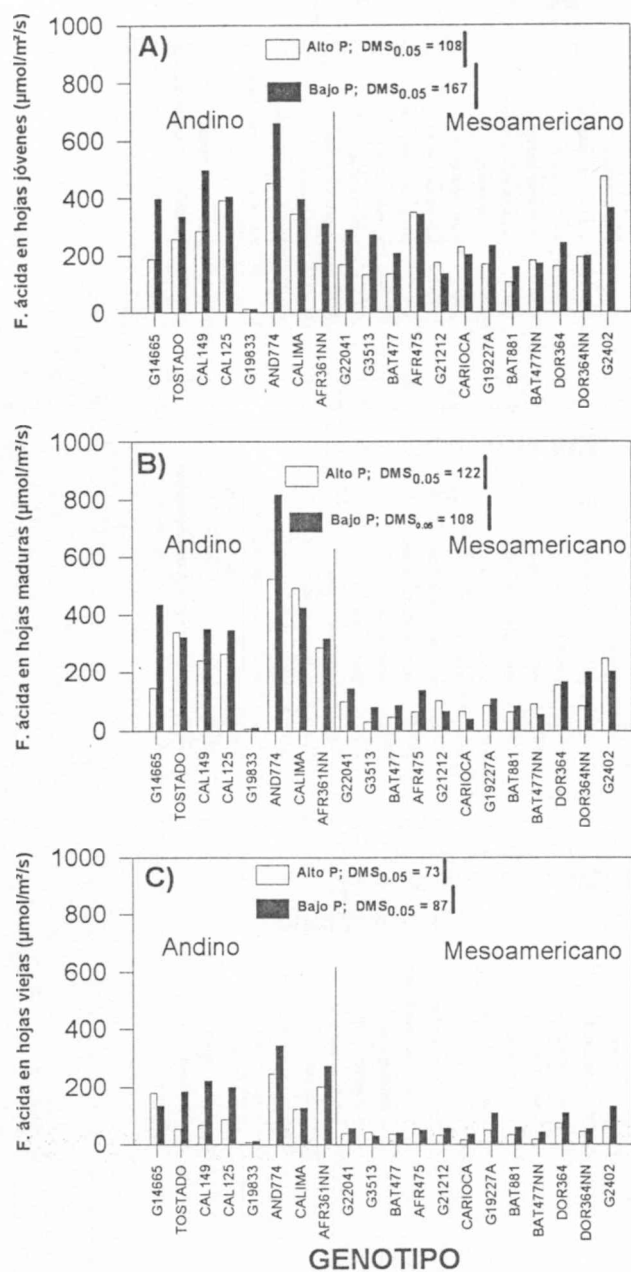


Figura 6. Influencia del bajo suministro de P en la variación genotípica de la fosfatos ácida (F. ácida) en viejas, maduras y jóvenes (en la floración) de 20 genotipos de frijol común cultivado en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

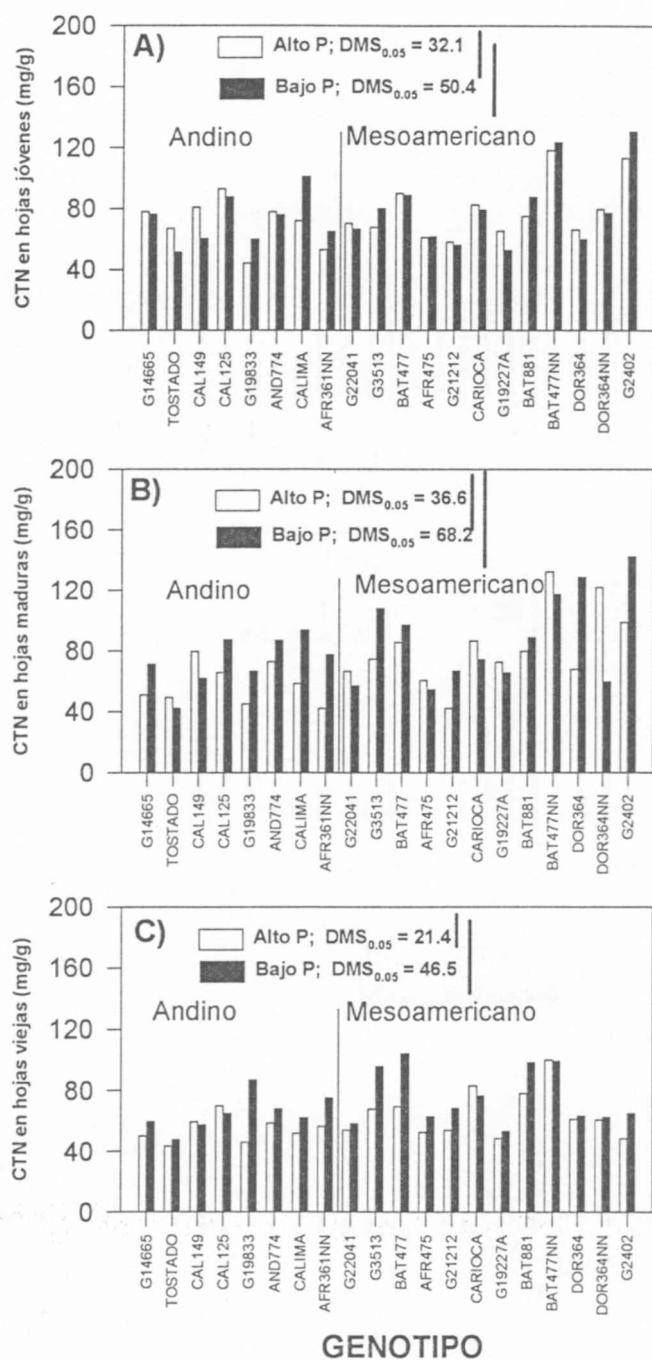


Figura 7. Influencia del bajo suministro de P en la variación genotípica del contenido total de carbohidratos totales no estructurales en hojas viejas, maduras y jóvenes (en la floración) de 20 genotipos de frijol común cultivado en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

Relaciones entre el rendimiento de grano y algunos caracteres de la planta. De los diferentes caracteres de la parte aérea y de las raíces medidos en la mitad de la etapa de llenado de las vainas, el número de hojas por planta estuvo relacionado significativamente con el rendimiento de grano en ambos niveles de suministro de P (Cuadro 10). El área foliar específica (área foliar por unidad de peso) también se relacionó positivamente con el rendimiento de grano en ambos niveles de suministro de P. Entre los caracteres de las raíces, la biomasa de éstas se relacionó positivamente con el rendimiento de grano y, en particular, con un alto suministro de P del suelo.

Cuadro 10. Coeficientes de correlación (r) entre el rendimiento final de grano y los caracteres de la planta en la mitad de la etapa de llenado de las vainas de 20 genotipos de frijól común evaluados en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

Caracteres de la planta	Bajo suministro de P	Alto suministro de P
Indice del área foliar	0.71 **	0.72 **
Número de hojas por planta	0.59 **	0.61 **
Area foliar específica	0.45 **	0.49 **
P total en hojas jóvenes	-0.07	-0.10
P total en hojas maduras	-0.22	-0.21
CTN en hojas jóvenes	-0.09	0.00
CTN en hojas maduras	-0.02	0.00
Biomasa de las raíces por planta	0.29 **	0.49 **
Longitud de las raíces por planta	-0.05	0.02
Longitud específica de la raíz	-0.25 **	-0.33 **

** Significativo a nivel de probabilidad del 0.01.

Absorción, utilización y distribución de fósforo y de nitrógeno. En la madurez fisiológica, el bajo suministro de P afectó la absorción de P de la parte aérea de las plantas, la absorción de N de la parte aérea (fijación biológica de N + absorción del suelo), la eficiencia en el uso del P (g de semilla producida por g de P de la absorción total), la eficiencia en el uso del N, el índice de cosecha para el P (contenido de P de la semilla /absorción total de P x 100), el índice de cosecha para el N, el contenido de P de la semilla y el contenido de N de la semilla (Figuras 8 a 11). Se presentaron diferencias en la absorción de P y de N entre los genotipos Andinos y los Mesoamericanos (Figura 8). En general, en condiciones de bajo suministro de P, los genotipos Mesoamericanos absorbieron mayores cantidades de P y de N, lo cual explica sus mayores rendimientos de semilla. Entre los ocho genotipos Andinos, CAL 149, G 14665 y Tostado absorbieron mayores cantidades de P y de N, y dieron mejor rendimiento que los otros genotipos. Entre los genotipos Mesoamericanos, G 3513 presentó una notable absorción de P mientras que BAT 881 presentó una notable absorción de N.

Cuando el suministro de P es bajo para los genotipos Andinos, CAL 125 presenta mayor eficiencia en el uso del P y del N que los otros genotipos (Figura 9). Entre los genotipos Mesoamericanos, G 21212 tuvo un desempeño sobresaliente respecto a la eficiencia en el uso del P y del N. Los índices de cosecha para el N y para el P de CAL 149 fueron mayores que los de otros genotipos Andinos (Figura 10). Entre los genotipos Mesoamericanos, G 3513 presentó

índices de cosecha superiores tanto para el P como para el N (Figura 10), lo que se atribuyó principalmente a una mayor movilización de N y de P hacia los granos. Los contenidos de N y de P de la semilla fueron mayores en APR 361NN, Tostado y G 19833, entre los genotipos Andinos, y en G 3513, DOR 364NN y BAT 477NN entre los genotipos Mesoamericanos (Figura 11).

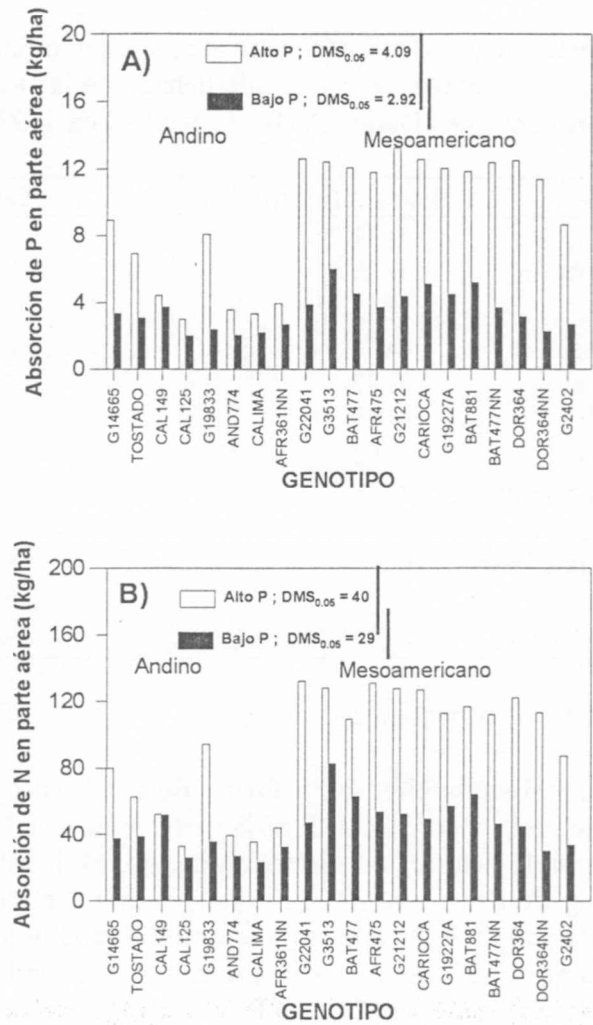


Figura 8. Influencia del bajo suministro de P del suelo en la variación genotípica presente en la absorción de P (a) y de N (b) de la parte aérea de plantas, a la madurez fisiológica, en 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

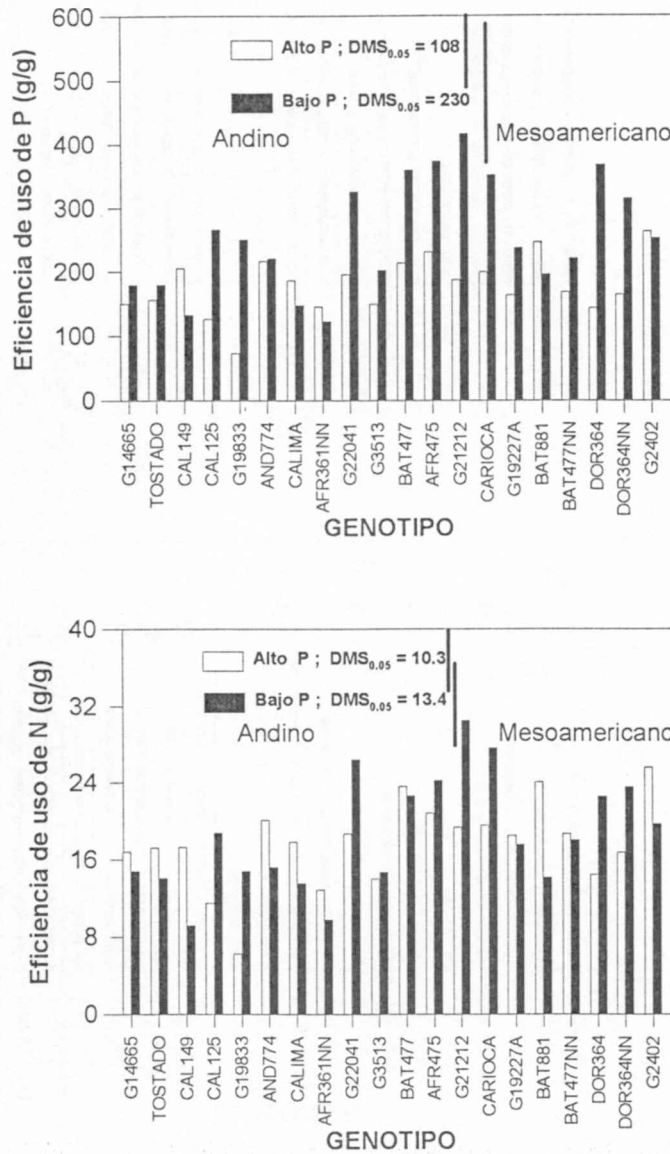


Figura 9. Influencia del bajo suministro de P del suelo en la variación genotípica presente en la eficiencia en el uso del P (a) y del N (b), a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

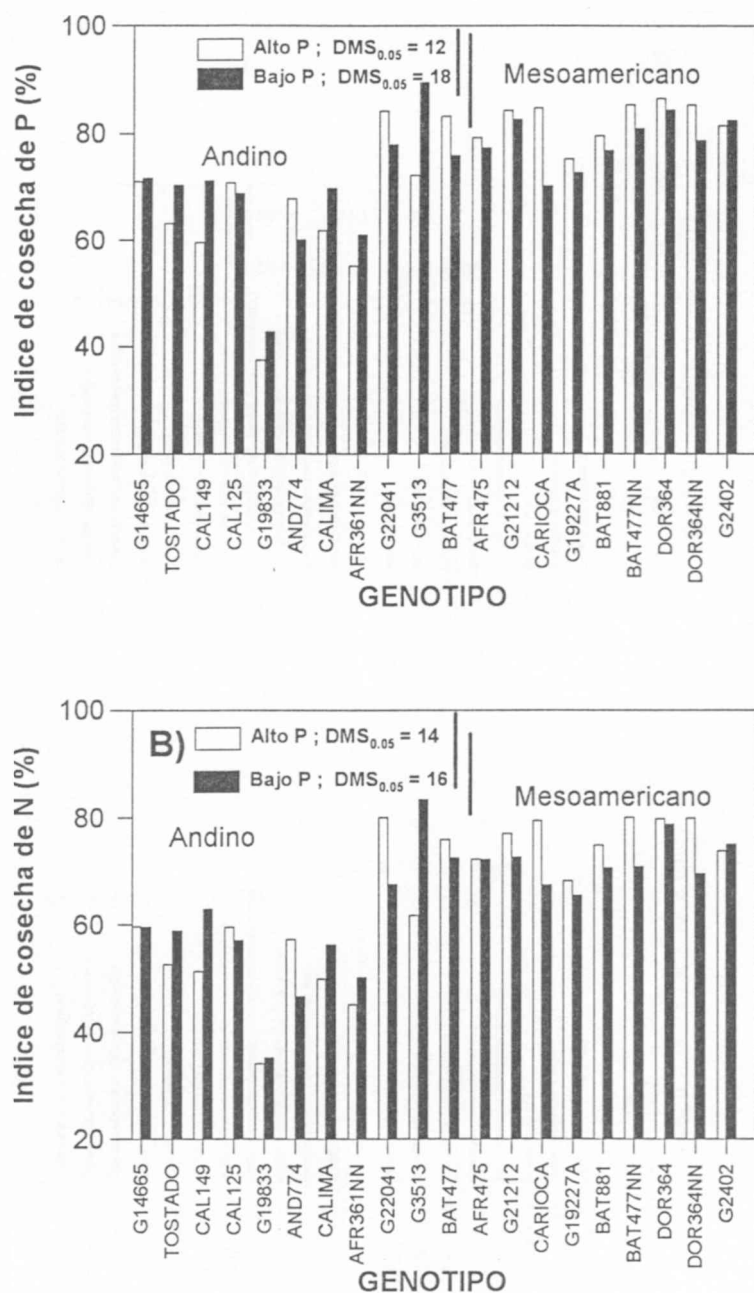


Figura 10. Influencia de un bajo suministro de P del suelo en la variación genotípica presente en el índice de cosecha para P (a) y N (b), a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

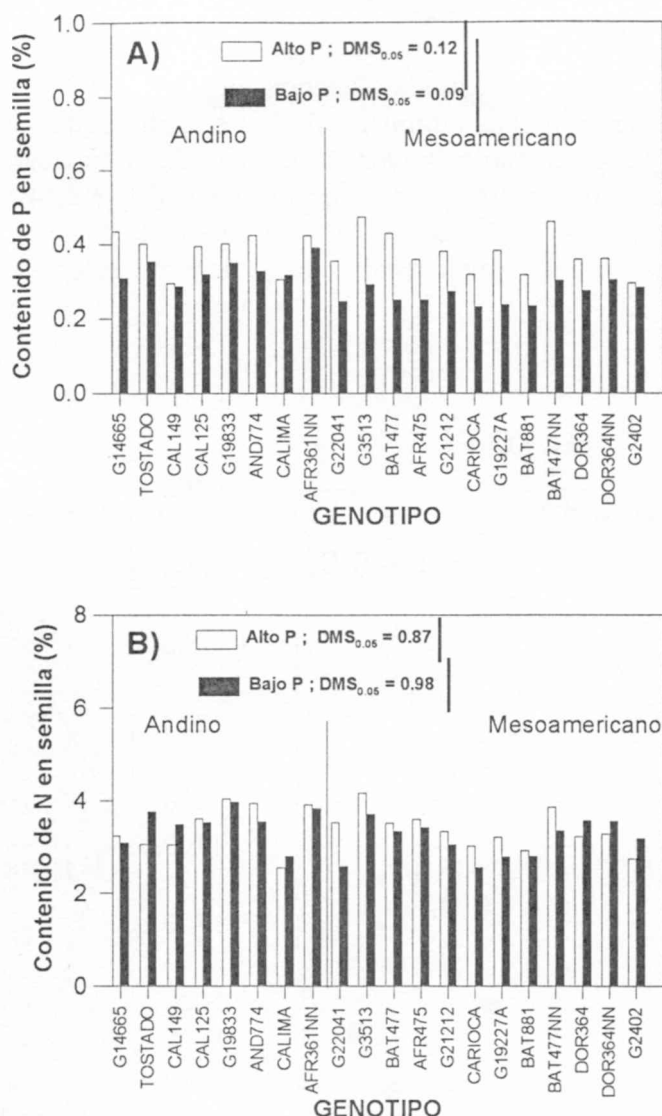


Figura 11. Influencia del bajo suministro de P del suelo en la variación genotípica presente en el contenido de P (a) y en el contenido de N (b) de la semilla, a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

Relaciones entre el rendimiento de grano y las características nutricionales de la planta en la madurez fisiológica. La importancia que haya una relación lineal entre el rendimiento de grano y las características nutricionales de la planta se indica en los Cuadros 11 y 12. La absorción de P de la parte aérea mostró una relación lineal respecto al rendimiento de semilla en los genotipos Andinos ya sea en condiciones de bajo suministro de P ($r = 0.57$) como de alto suministro de este elemento ($r = 0.63$); los genotipos Mesoamericanos, en cambio, presentaron una relación lineal significativa solamente cuando el suministro de P fue bajo (Figura 12, Cuadros 11 y 12). La relación entre la absorción de N de la parte aérea de las plantas y el rendimiento fue similar al de la absorción de P de la parte aérea (Figura 13). El rendimiento de grano de los genotipos Mesoamericanos se relacionó estrechamente con la absorción de N de la

parte aérea ($r = 0.77$). La relación entre la eficiencia en el uso del P y la eficiencia en el uso del N también fue lineal ya sea con bajo suministro de P o con alto suministro del mismo; esto indica que los genotipos que presentaron mayor utilización del P también fueron eficientes en la utilización del N absorbido para la producción de grano (Figura 14, Cuadros 11 y 12). Según parece, la absorción de P y de N, cuando el suministro de P del suelo es bajo, son los dos principales factores que contribuyen a las diferencias genotípicas en el rendimiento de grano.

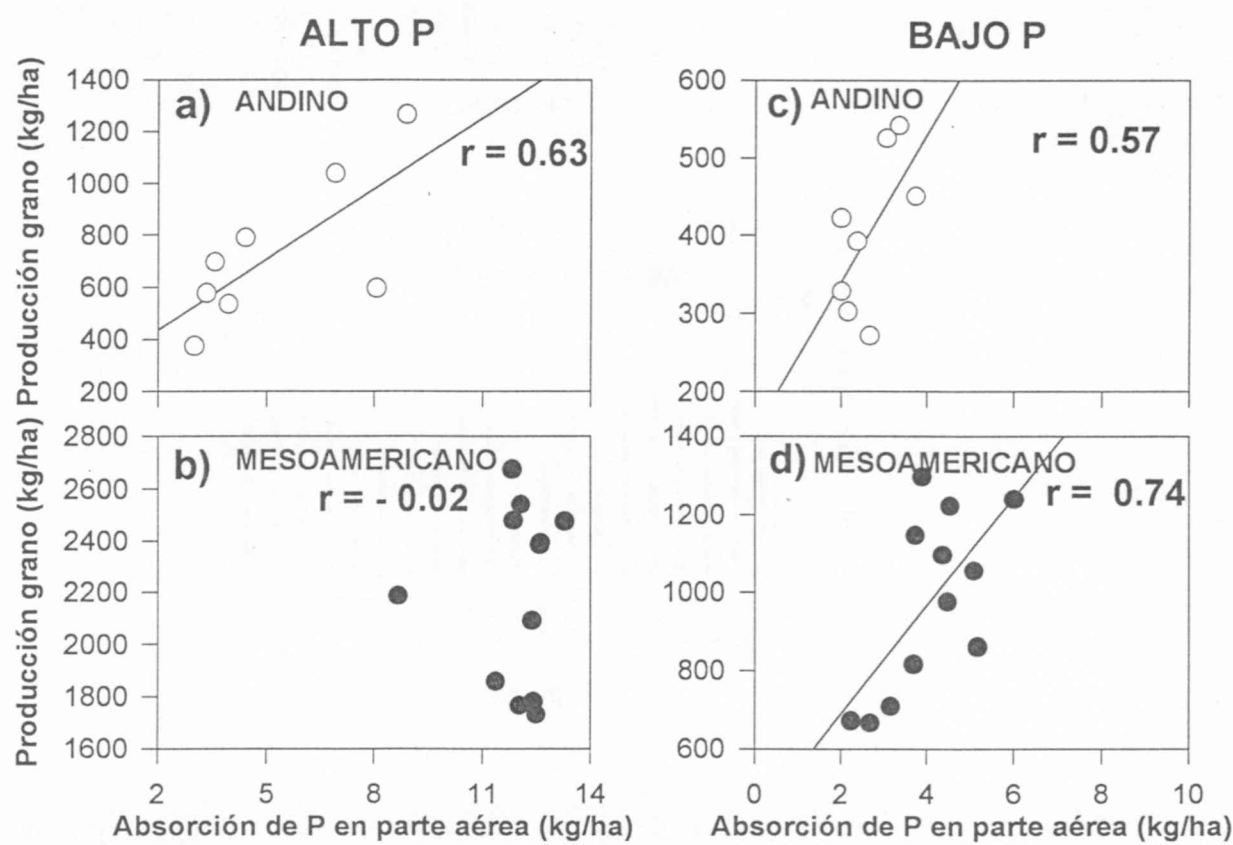


Figura 12. Relación entre la absorción de P en la parte aérea de las plantas y el rendimiento de grano, a la madurez fisiológica, de 8 genotipo Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de fríjol común cultivados en condiciones de bajo o alto suministro de P del suelo, en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

Aunque se observaron diferencias genotípicas significativas en la distribución de P y de N hacia los granos, los índices de cosecha para el P y para el N y los contenidos de P y N de la semilla no se relacionaron con el rendimiento de grano (Cuadros 11 y 12, Figuras 15 y 16). Sin embargo, es importante señalar que G 3513, entre los genotipos Mesoamericanos, y Tostado, entre los genotipos Andinos, mostraron mayores concentraciones de N en la semilla, junto con un mayor rendimiento de grano cuando el suministro de P era bajo (Figura 16). Esta observación indica que es posible seleccionar genotipos por mayor rendimiento de grano combinado con mayores

concentraciones de N en los granos. Uno de los genotipos Mesoamericanos de mayor rendimiento, G 22041, presentó una concentración moderada de N en los granos en comparación con G 3513. Es posible que estos dos genotipos tengan mecanismos muy diferentes para movilizar de nuevo el N, pero que su potencial de rendimiento sea similar. Estos dos genotipos podrían servir de progenitores con una utilidad potencial para mejorar la adaptación genética del frijol común a los suelos cuyo suministro de P sea bajo.

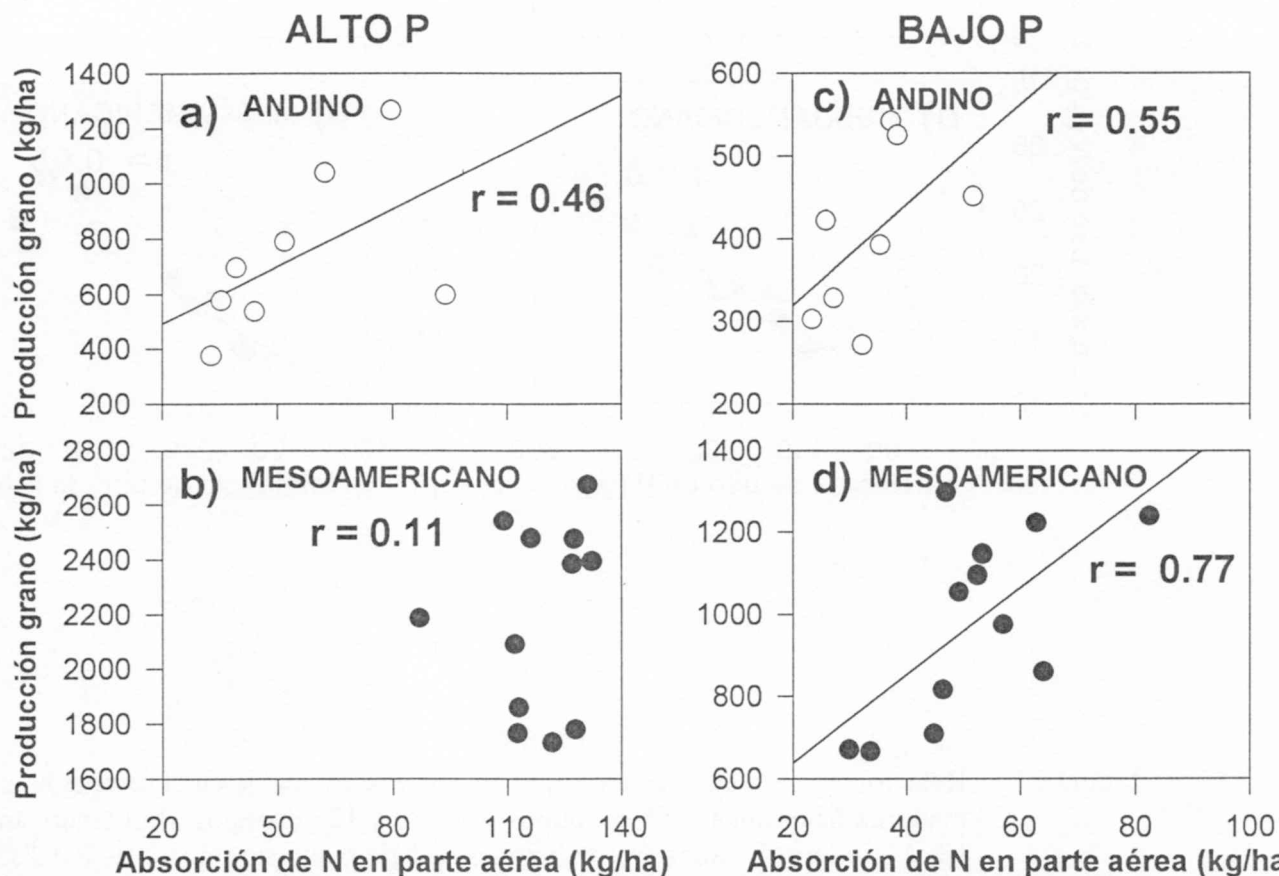


Figura 13. Relación entre la absorción de N en la parte aérea de las plantas y el rendimiento de grano, a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en condiciones de bajo o alto suministro de P del suelo, en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

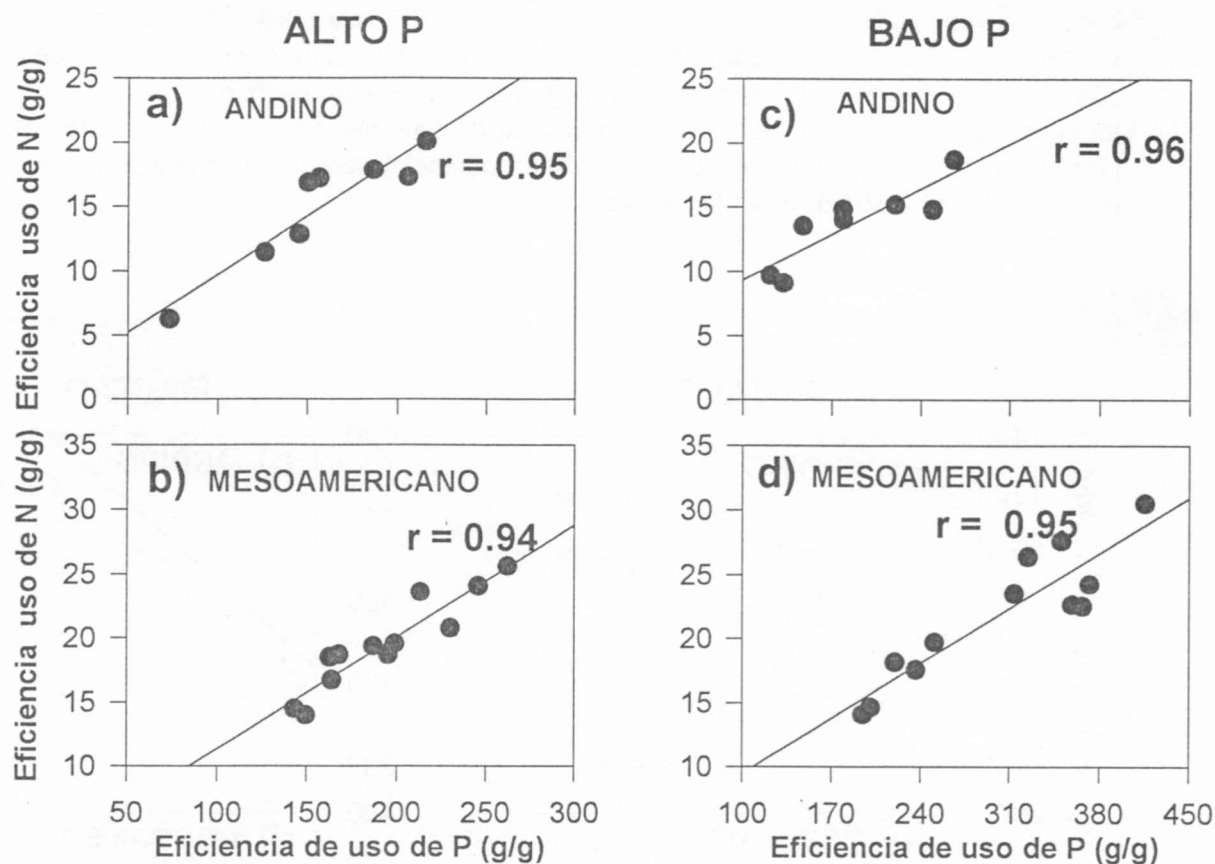


Figura 14. Relación entre la eficiencia en el uso del P y la eficiencia en el uso del N, a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en condiciones de bajo o alto suministro de P del suelo, en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

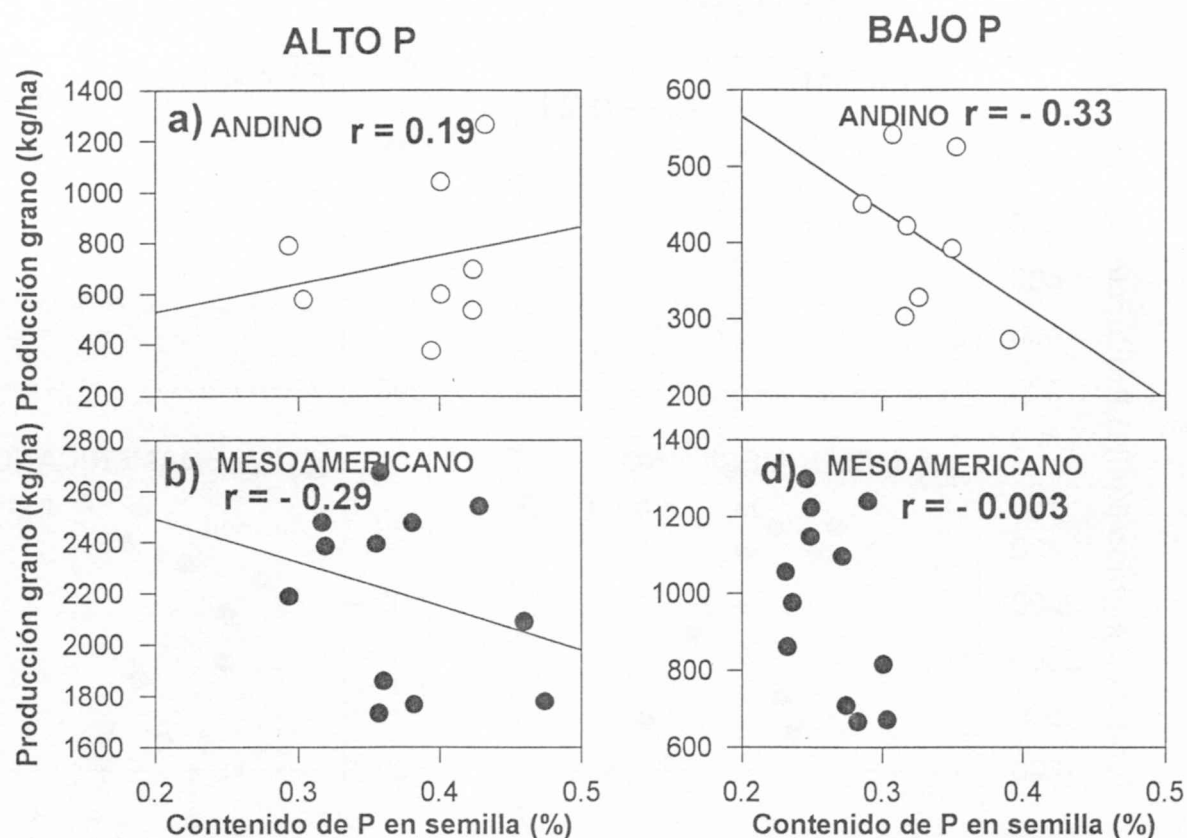


Figura 15. Relación entre el contenido de P de la semilla y el rendimiento de grano, a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en condiciones de bajo o alto suministro de P del suelo, en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

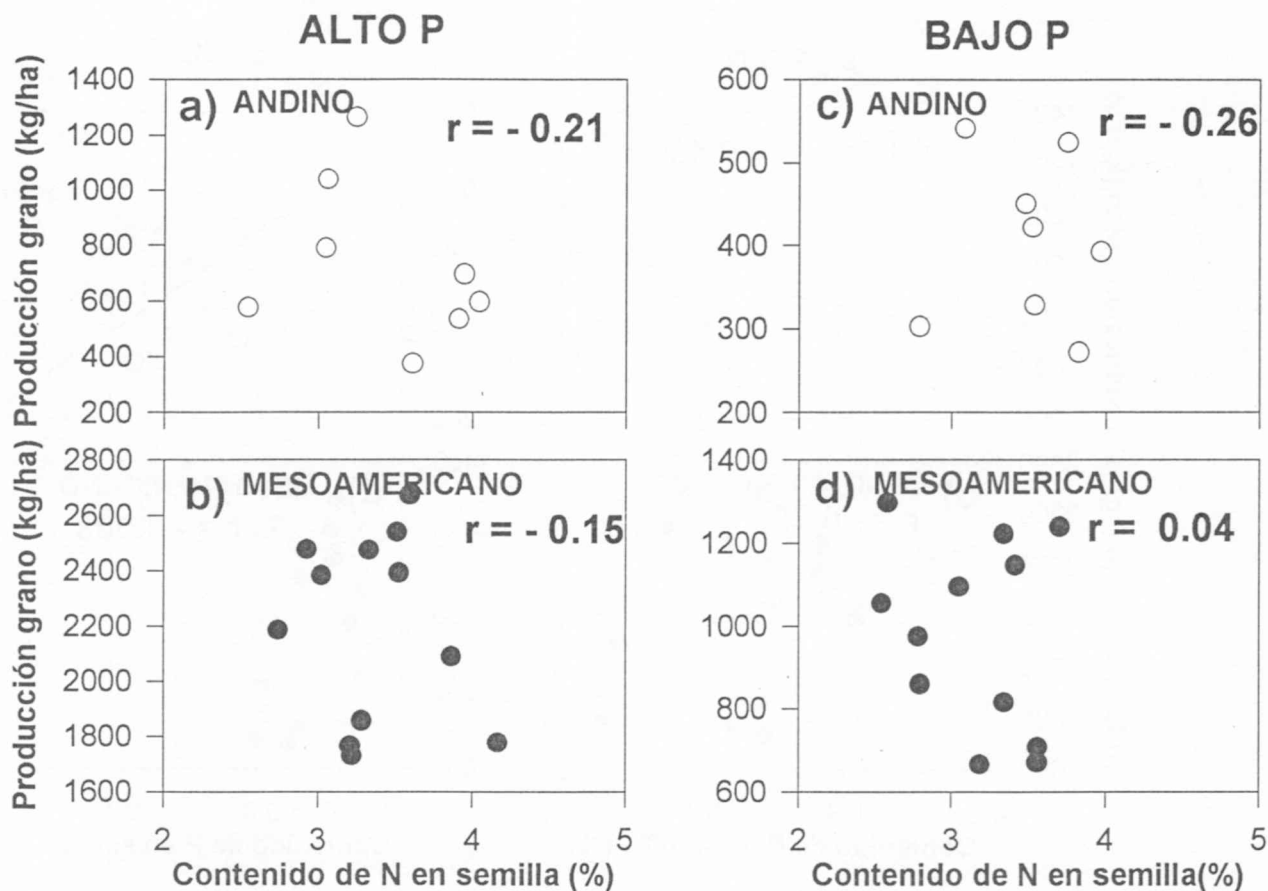


Figura 16. Relación entre el contenido de N de la semilla y el rendimiento de grano, a la madurez fisiológica, de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común cultivados en condiciones de bajo o alto suministro de P del suelo, en Darién (Valle del Cauca, Colombia), en 1997.

Cuadro 11. Significancia de la relación lineal entre el rendimiento de grano y las características nutricionales de la planta de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común, cultivados en un suelo cuyo suministro de P era alto.

Andinos		1	2	3	4	5	6	7	8
Rendimiento de grano	1								
Absorción de N	2	*							
Absorción de P	3	***	***						
EUN	4	n.s.	**	n.s.					
EUP	5	n.s.	***	**	***				
ICN	6	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s. *			
ICP	7	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***		
Contenido de N de la semilla	8	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	
Contenido de P de la semilla	9	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***
Mesoamericanos		1	2	3	4	5	6	7	8
Rendimiento de grano	1								
Absorción de N	2	n.s.							
Absorción de P	3	n.s.	***						
EUN	4	***	***	***					
EUP	5	***	***	***	***				
ICN	6	n.s.	**	**	n.s.	n.s. *			
ICP	7	n.s.	**	***	*	*	***		
Contenido de N de la semilla	8	n.s.	*	n.s.	**	*	n.s.	n.s.	
Contenido de P de la semilla	9	n.s.	n.s.	*	**	**	n.s.	n.s.	***

EUN = eficiencia de uso del nitrógeno; EUP = eficiencia de uso del fósforo; ICN = índice de cosecha para el nitrógeno; ICP = índice de cosecha para el fósforo.

*, **, *** = significancia a niveles de probabilidad de 0.05, 0.1 y 0.001, respectivamente,

n.s. = no significativo

Cuadro 12. Significancia de la relación lineal observada entre el rendimiento de grano y Las características nutricionales de la planta de 8 genotipos Andinos y 12 genotipos Mesoamericanos de frijol común, cultivados en un suelo cuyo suministro de P era bajo.

Andinos		1	2	3	4	5	6	7	8
Rendimiento de grano	1	**							
Absorción de N	2	**	***						
Absorción de P	3		***	***					
EUN	4	n.s.	***	***	***				
EUP	5	n.s.	**	***	**	***			
ICN	6	n.s.	**	***	**	***	***		
ICP	7	n.s.							
Contenido de N de la semilla	8	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	
Contenido de P de la semilla	9	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***

Mesoamericanos		1	2	3	4	5	6	7	8
Rendimiento de grano	1	***							
Absorción de N	2	***	***						
Absorción de P	3	***	***	***					
EUN	4	n.s.	***	***	***				
EUP	5	n.s.	***	***	***	***			
ICN	6	**	***	***	***	***	***		
ICP	7	n.s.	**	*	*	***	***		
Contenido de N de la semilla	8	n.s.	n.s.	n.s.	**	*	***	**	
Contenido de P de la semilla	9	n.s.	n.s.	*	**	***	***	***	***

EUN = eficiencia de uso del nitrógeno; EUP = eficiencia de uso del fósforo; ICN = índice de cosecha para el nitrógeno; ICP = índice de cosecha para el fósforo.
 *, **, *** = significancia a niveles de probabilidad de 0.05, 0.1 y 0.001, respectivamente,
 n.s. = no significativo.

Relaciones entre el rendimiento de grano y los componentes del rendimiento. Se observó una asociación positiva significativa entre el rendimiento de grano y el número de vainas por planta, de un lado, y el número de semillas por vaina, de otro lado, en los dos niveles de suministro de P del suelo (Cuadro 13). El rendimiento de grano se relacionó negativamente con el tamaño de la semilla y con el porcentaje de vainas vanas, especialmente cuando el suministro de P era alto.

Cuadro 13. Coeficientes de correlación (r) entre el rendimiento final de grano y los componentes del rendimiento de 20 genotipos de frijol común evaluados en Darién (Valle, Colombia) en 1997.

Componentes del rendimiento	Bajo suministro de P	Alto suministro de P
Plantas por parcela	0.37 **	0.25
Vainas por planta	0.74 **	0.82 **
Número de semillas por vaina	0.70 **	0.81 **
Porcentaje de vainas sin llenar	-0.37 **	-0.64 **
Peso de 100 semillas	-0.49 **	-0.65 **

** Significativo a nivel de probabilidad del 0.01.

Conclusiones

Este estudio de campo indica que la variación genotípica observada en la adaptación del frijol común al bajo suministro de P del suelo está relacionada con la capacidad de absorción de P para mantener la expansión foliar durante la etapa de llenado de las vainas. Los resultados sobre la variación genotípica presente en la absorción, en la utilización y en la distribución del P y del N indican que la absorción de P y de N están estrechamente relacionadas con el rendimiento de grano, y que constituyen los dos principales factores que contribuyen a la adaptación genética del frijol a los suelos cuyo suministro de P es bajo. Además, este estudio de campo demuestra que es posible desarrollar genotipos de frijol donde se combinen la eficiencia de uso del P con un mayor rendimiento de grano y una alta concentración de N en los granos.

Actividad 1.3.2 Estudio fisiológico de la tolerancia a la sequía

El 60% de la producción mundial de frijol común se cultiva en condiciones de estrés hídrico, lo que convierte a la sequía en el segundo mayor contribuyente a la reducción de los rendimientos, después de las enfermedades. La mayor adaptación de los genotipos de frijol común al déficit hídrico del suelo contribuiría tanto a la estabilidad de la producción como a la expansión de la misma en ambientes endémicos de sequía, como el nordeste de Brasil y las montañas de la región central de México. Los cultivares de frijol adaptados a la sequía requerirían menos agua para riego y, en consecuencia, contribuirían a la conservación de un recurso natural importante.

Los enfoques de investigación que han hecho avances más rápidos en el mejoramiento del desempeño del frijol en condiciones de sequía han sido los siguientes: (i) utilización de condiciones de suelo realistas; (ii) ensayos con un suministro adecuado de agua y con un suministro limitado de agua; (iii) comprensión del origen del fracaso del cultivo en el área de cultivo propuesta; y (iv) elección de un número limitado de caracteres para el mejoramiento genético. La adaptación superior del genotipo de frijol común BAT 477 al déficit hídrico se atribuyó a la postergación de la deshidratación por una mayor densidad de la longitud de la raíz y a la extracción más profunda que hace de la humedad del suelo.

La evaluación de diversos genotipos de follaje en genotipos de frijol común escogidos por su raíz, en condiciones de déficit hídrico del suelo, mostró variación en los genotipos de follaje, aunque se encontró que el efecto del genotipo de follaje en el crecimiento y el rendimiento, en condiciones de déficit hídrico, era pequeño en comparación con el del genotipo de raíces. No obstante, la identificación de los caracteres del follaje que reflejan la capacidad de enraizamiento y la adaptación a la sequía reducirá al mínimo las mediciones en las raíces, las cuales exigen un uso intensivo de mano de obra en un programa de mejoramiento. La investigación de campo en condiciones de sequía indicó que la eficiencia del uso del agua (basada en la discriminación de isótopos de carbono) no es un indicador promisorio de la adaptación al déficit hídrico en el frijol común. Otros caracteres fisiológicos, como el peso seco de la parte aérea y la concentración de nitrógeno en las hojas, fueron, al parecer, los más promisorios basados en la heredabilidad, los efectos generales de la capacidad combinatoria y las correlaciones con el rendimiento de semilla en todos los ensayos.

Estudios recientes sobre otras leguminosas de grano, como maní y soya, han indicado que la eficiencia en el uso del agua se relaciona negativamente con ciertos caracteres de la parte aérea, como el área foliar específica (área foliar por unidad de peso seco foliar) y el contenido de ceniza de las hojas. La disminución del área foliar específica en los genotipos adaptados a la sequía también puede relacionarse con la acumulación de carbohidratos no estructurales en las hojas. La comprensión de las relaciones entre el rendimiento de grano y los caracteres de la parte aérea, como el área foliar específica, el contenido de ceniza de las hojas y los carbohidratos totales no estructurales de las hojas, utilizando genotipos contrastantes, puede ayudar a identificar los caracteres específicos de la parte aérea que se relacionen con la adaptación a la sequía en el frijol común. El desarrollo de un índice de selección por adaptación a la sequía ayudará a identificar los QTL mediante el empleo de marcadores moleculares y a incorporar los mecanismos de adaptación a la sequía en genotipos agrónomicamente deseables dentro del programa de mejoramiento.

Ensayo 1: Variación genotípica en tolerancia al déficit de agua en el suelo

Se realizó un ensayo de campo en Palmira para determinar las diferencias en la tolerancia de la sequía entre acebos genéticos seleccionados de frijol común y cultivares comúnmente utilizados, y para identificar los atributos de la planta que estén relacionados con la tolerancia a la sequía en el frijol común. Probamos tres hipótesis: (i) la mayor adaptación de los acervos genéticos seleccionados a condiciones de sequía (alto rendimiento de grano) se relaciona con el mayor número de hojas y la mayor producción de área foliar; (ii) la capacidad para producir un gran número de hojas y mayor área foliar se relaciona con el desarrollo de un sistema radical eficiente que permita adquirir mayores cantidades de agua durante la estación seca; y (iii) el mantenimiento de una concentración constante de minerales en la corriente de transpiración contribuirá a la mayor eficiencia en el uso del agua, a causa de la acumulación de carbohidratos no estructurales por unidad de área foliar.

El ensayo de campo en Palmira incluyó 14 genotipos del frijol: 11 Mesoamericanos (BAT477, DOR364, SEQ7, AFR475, SEA5, SEA13, Carioca, G6450, Durango222, San Cristóbal 83 y Rio Tibagi) y tres Andinos (Calima, AND774 y CAL 125). Los detalles sobre origen, hábito de crecimiento y tamaño de la semilla de los 14 genotipos se presentan en el Cuadro 14.

Cuadro 14. Origen, hábito de crecimiento y tamaño de semilla de los genotipos de frijol utilizados para el experimento de campo sobre tolerancia a sequía en Palmira (Valle, Colombia) en 1997.

Genotipo	Número de accesión CIAT	Origen ^a	Hábito de crecimiento ¹¹	Tamaño de la semilla (mg)
CAL125	G4494	AN	I	304
Calima		AN	I	409
AND774		AN	I	358
SEA5		MA	II	265
BAT477	G17722	MA	III	195
San Cristóbal 83		MA	III	305
SEQ7		MA	II-A	270
SEA13		MA	II	186
DOR364	G6450	MA	II	197
Negro Matahambre		MA	III	220
Rio Tibagi	G4830	MA	II	153
AFR475	G4017	MA	II	191
Carioca		MA	III	211
Durango		MA	III	387

- a. AN = Andino; MA = Mesoamericano.
- b. Los genotipos se agruparon por hábito de crecimiento: I = arbustivo determinado; II = arbustivo indeterminado; III = postrado indeterminado; IV = trepador indeterminado.

El ensayo se sembró el 16 de junio de 1997, en un diseño de bloques completos al azar con dos niveles de suministro de agua (riego y precipitación atmosférica o lluvia natural), tres repeticiones y un tamaño de parcela de 6 m x 5 m (6 hileras de 5 m de longitud con una distancia de 60 cm entre hileras y de 10 cm entre plantas). La semilla se inoculó con *Rhizobium* (CIAT 899) con la siembra. El déficit hídrico del suelo se impuso mediante la suspensión del riego después del establecimiento de las plántulas. El manejo de las malezas, las enfermedades y los insectos se hizo mediante medidas de control mecánico y químico para reducir la confusión entre la adaptación al régimen hídrico y otros factores de estrés.

Se midieron varios caracteres de la planta a los 63 días de la siembra para determinar la variación genotípica en tolerancia al déficit de agua en el suelo. Estos caracteres de la planta incluyeron la eficiencia fotoquímica del fotosistema II, el contenido de clorofila de las hojas; los contenidos totales de N, P, K, Ca y Mg en las hojas; el contenido de ceniza en hojas; los carbohidratos totales no estructurales en las hojas y los tallos; el área foliar por planta y el área foliar específica; el número de hojas por planta; la distribución de la materia seca en hojas, tallos y estructuras reproductivas (flores y vainas); y el peso seco del dosel de follaje por planta. En el momento de la cosecha se determinaron el rendimiento de grano y los componentes del rendimiento (número de vainas por planta, número de semillas por vaina, peso de 100 semillas). Se usaron hileras de 2 m de longitud para las mediciones fisiológicas, y se emplearon 2 hileras (de 5 m cada una) para determinar el rendimiento de semilla.

Temperatura, precipitación y evaporación. Durante la época de crecimiento del cultivo, las temperaturas máxima y mínima del aire fueron 35.9 °C y 15.1 °C, respectivamente, mientras que la radiación solar incidente varió de 8 MJ a 22 MJ.m².d⁻¹. La precipitación total durante los dos meses (julio-agosto) de crecimiento activo del cultivo fue de sólo 4.1 mm en comparación con la evaporación potencial de 334 mm de la bandeja. Estas condiciones excepcionalmente secas durante la época de crecimiento del cultivo crearon déficit severas de agua en el suelo que favorecieron una incidencia muy alta de una enfermedad fungosa, *Macrophomina*. Varios genotipos resultaron muy sensibles a *Macrophomina*, especialmente Durango, Rio Tibagi, Negro y DOR364. Tres genotipos, SEA5, San Cristóbal 83 y SEQ7, fueron muy tolerantes a la incidencia de *Macrophomina* en campo (Cuadro 15).

Rendimiento de grano. El rendimiento de grano se mostró expuesto a efectos grandes de genotipo y de régimen hídrico (Figura 17; Cuadro 15). Uno de los genotipos Mesoamericanos, SEA5 (línea mejorada), presentó los rendimientos más altos tanto para condiciones de sequía con lluvia natural como de sequía con riego. Los rendimientos de los 14 genotipos, en las condiciones de los dos regímenes hídricos, mostraron una relación positiva ($r^2 = 0.56$; $p < 0.05$). El rendimiento medio de 11 genotipos Mesoamericanos, en condiciones de sequía, fue de 122 kg/ha en comparación con 67 kg/ha de los tres genotipos Andinos. Los rendimientos del tratamiento de riego no llegaron al nivel esperado debido a la variabilidad del campo. Los rendimientos en condiciones de sequía fueron sensiblemente inferiores a causa de las condiciones de sequía severa que sobrevino durante el crecimiento y el desarrollo del cultivo (julio-agosto). El rendimiento de grano de SEA5 fue 4 veces mayor que el rendimiento medio (Cuadro 15).

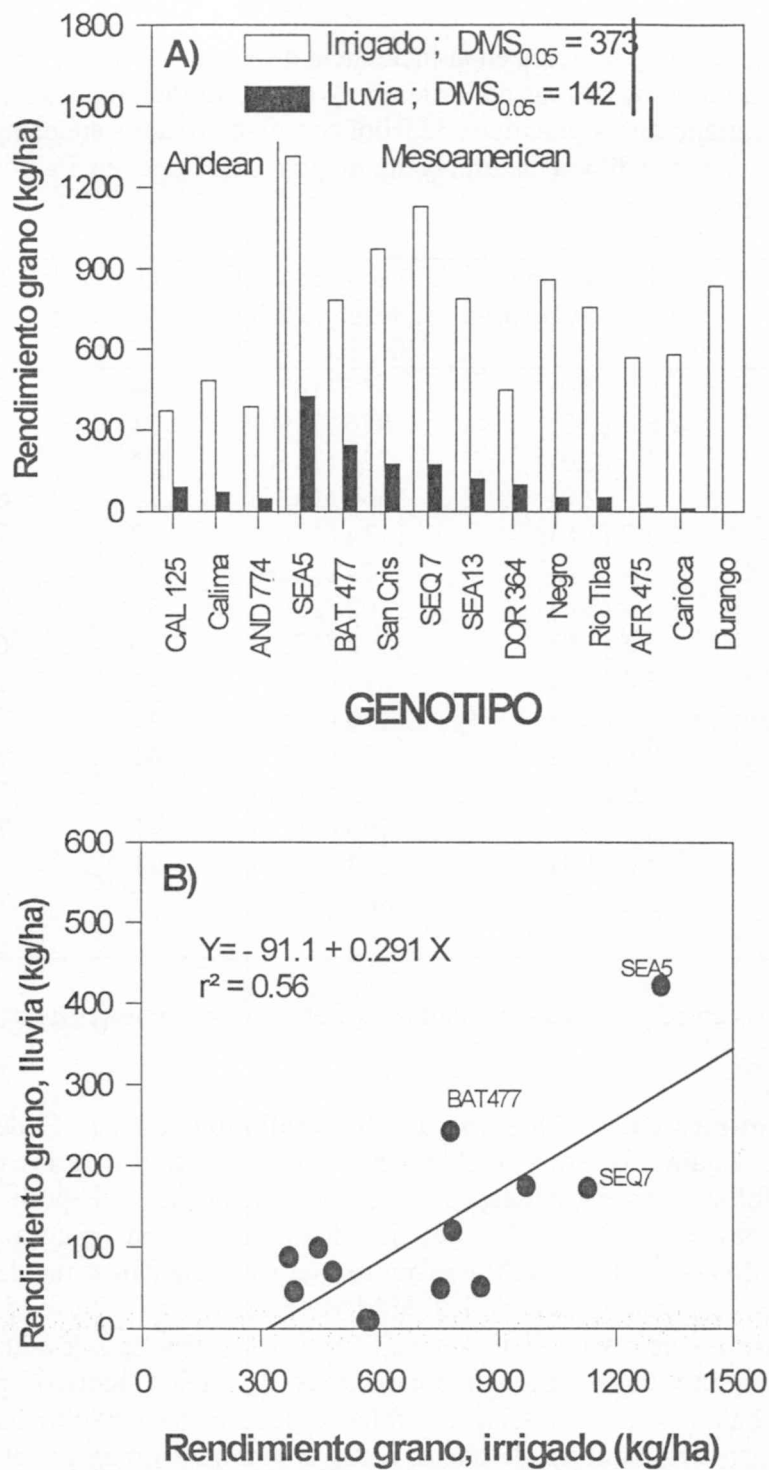


Figura 17. Variación genotípica en rendimiento de grano (A) y relación entre el rendimiento de grano sin y con riego (B) de 14 genotipos de frijol común cultivados en campo, bajo condiciones de sequía en Palmira, Colombia, en 1997.

Cuadro 15. Variación genotípica en la incidencia de *Macrophomina*, peso seco del dosel de follaje (a los 63 días de la siembra), días a floración, días a madurez y rendimiento de grano de 14 genotipos de frijol común cultivados en campo bajo condiciones de sequía con lluvia natural y de sequía con riego en Palmira, Colombia, durante 1997.^a

Genotipo	Incidencia de <i>Macrophomina</i>	Peso seco del dosel de follaje (kg/ha)	Días a la floración	Días a la madurez	Rendimiento de grano
CAL125	60(3.0)	557 (876)	34	65	87 (371)
Calima	67(2.0)	826 (1390)	31	62	70(481)
AND774	5.3 (2.0)	728 (1356)	34	69	45 (384)
SEA5	2.7 (2.0) •	1300 (1528)	34	65	422(1316)
BAT477	4.7 (1.0)	1134 (1963)	40	74	243 (881)
San Cristóbal 83	3.0 (2.0)	1129(1824)	38	74	174 (972)
SEQ7	3.3 (2.0)	1192 (2083)	38	73	172(1128)
SEA13	5.7 (1.0)	705 (1729)	36	68	120 (785)
DOR364	7.0 (3.0)	813(1124)	41	75	99 (446)
Negro Matahambre	7.3 (2.0)	936 (1859)	41	78	52 (856)
Rio Tibagi	8.0 (2.0)	675(1420)	41	76	50 (754)
AFR475	5.0 (1.0)	603 (1127)	40	78	11(566)
Carioca	6.3 (3.0)	690(1121)	41	76	10(577)
Durango	8.0 (4.0)	848 (1906)	31	-	0(832)
Medio	5.6 (2.1)	867(1522)	37	72	111 (739)
DMS (P = 0.05)					142 (373)

a. Los números entre paréntesis indican los valores en condiciones de campo con riego.

Variación genotípica en crecimiento y en desarrollo del cultivo. El déficit severo de agua en condiciones de sequía afectaron notablemente varios caracteres de las plantas que incluyen el índice de área foliar, el área foliar específica, el peso de las hojas, el peso de las raíces, el peso de las vainas y el peso seco del dosel de follaje a los 63 días de la siembra (Figuras 18 y 19). San Cristóbal 83, SEQ7, BAT477 y Matahambre Negro presentaron un desarrollo de área foliar sobresaliente en condiciones de déficit hídrico (Figura 18). CAL 125, un genotipo Andino, mostró el desarrollo de área foliar más bajo de los 14 genotipos evaluados. Durango, que no presentó rendimiento de semilla en condiciones de déficit hídrico, presentó el área foliar específica más baja (Figura 18). Una área foliar específica baja resultó ser un atributo adaptativo a la sequía en otras leguminosas de grano, como el maní; sin embargo, el presente estudio indica que, en frijol común, el área foliar específica quizás no sea un carácter útil para evaluar la adaptación al déficit hídrico. En efecto, encontramos una relación positiva entre el área foliar específica y el rendimiento de grano en condiciones de riego ($r^2 = 0.55$) (Figura 18). Cuatro genotipos, San Cristóbal 83, SEQ7, BAT477 y Matahambre Negro, fueron sobresalientes en producción de biomasa foliar y biomasa de los tallos en condiciones de sequía con lluvia natural (Figura 19A y 19B). Dos líneas mejoradas, SEA5 y SEQ13, fueron sobresalientes en la distribución de los productos de la fotoasimilación para la formación y el llenado de las vainas (Figura 19C).

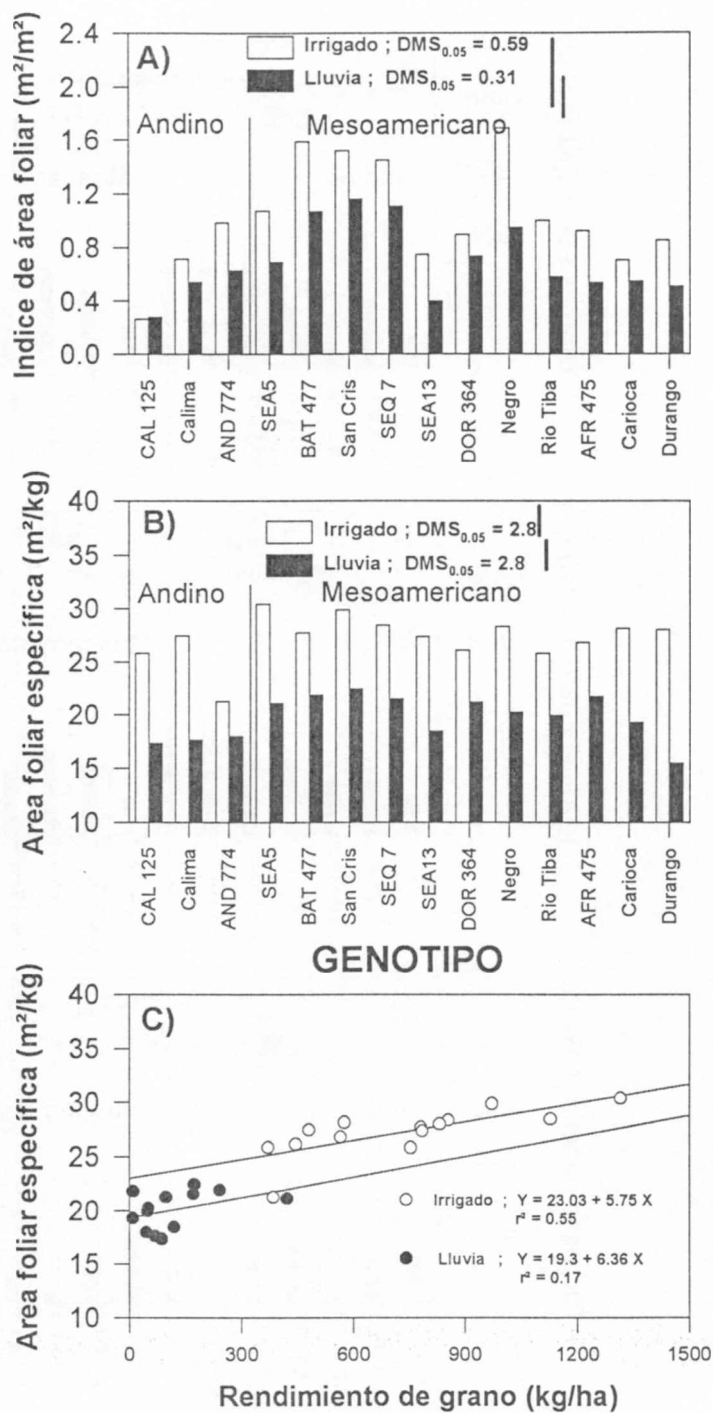


Figura 18. Variación genotípica en el índice de área foliar (A) y en el área foliar específica (B) a los 63 días de la siembra, y la relación entre el área foliar específica y el rendimiento de grano (C) de 14 genotipos de frijol común cultivados en campo en condiciones de sequía con lluvia natural y con riego en Palmira, Colombia, durante 1997.

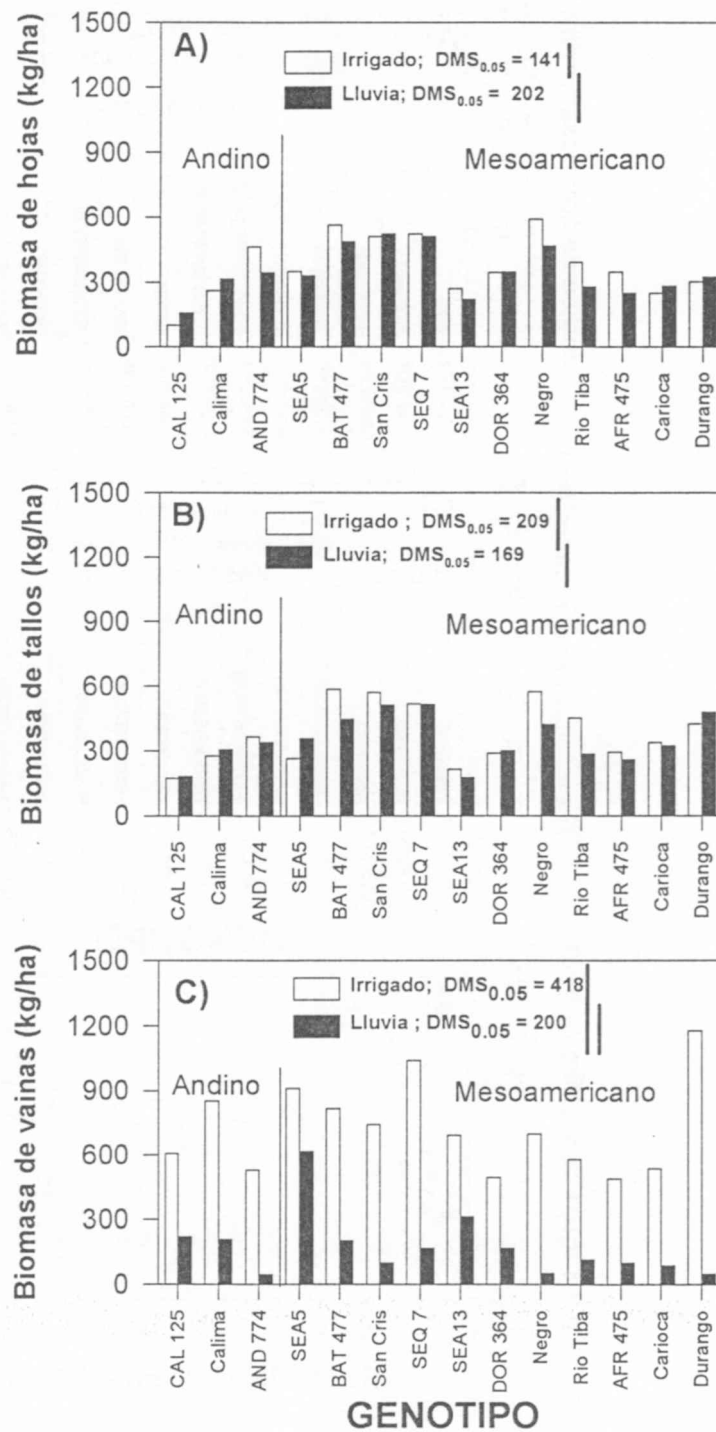


Figura 19. Variación genotípica en la biomasa foliar (A), de los tallos (B) y de las vainas (C) a los 63 días de la siembra en 14 genotipos de frijol común cultivados en campo bajo condiciones de sequía sin y con riego en Palmira, Colombia, durante 1997.

Relaciones entre el rendimiento de grano y los caracteres de la planta. Entre diferentes caracteres de la planta medidos a los 63 días después de la siembra, la biomasa de la parte aérea se relacionó significativamente con el rendimiento de grano en el campo, tanto en condiciones de sequía como en condiciones de riego (Cuadro 16). En condiciones de sequía, la biomasa de las vainas parece ser, durante el período de llenado de las vainas, un carácter importante relacionado con el rendimiento final de grano. Esta relación indica que los genotipos capaces de movilizar los productos de la fotoasimilación de hojas y tallos para la formación y el desarrollo de las vainas podrían tener una mejor producción en condiciones de sequía.

Cuadro 16. Coeficientes de correlación (r) entre el rendimiento final de grano (kg/ha) y los caracteres de la planta a los 63 días de la siembra de 14 genotipos de frijol común cultivados en el campo en condiciones de sequía con lluvia natural y con de riego en Palmira, Colombia, en 1997.

Caracteres de la planta	Sequía	Riego
Índice de área foliar (m ² /m ²)	0.39 *	0.60 ***
Número de hojas por planta	0.04	0.16
Biomasa de la parte aérea (kg/ha)	0.67 ***	0.70 ***
Biomasa foliar (kg/ha)	0.35 *	0.52 ***
Biomasa radical (kg/ha)	0.39 *	0.48 ***
Biomasa de las vainas (kg/ha)	0.65 ***	0.33 *

*, **, *** Significativo a niveles de probabilidad del 0.05, 0.01 y 0.001, respectivamente.

Conclusiones

Este estudio de campo indica que la notable adaptación genética de SEA5 al déficit hídrico del suelo puede estar relacionada con su capacidad para resistir la incidencia de *Macrophomina*, junto con la capacidad para movilizar los productos de la fotoasimilación desde las hojas y los tallos hacia las vainas durante el llenado de los granos. Todavía se están analizando los datos sobre las diferencias genotípicas respecto a los carbohidratos totales no estructurales de las hojas y los tallos, el contenido de ceniza de hojas y tallos, y la composición de los nutrimentos de las hojas.

Ensayo 2: Caracteres de las plantas relativos a la tolerancia a la sequía en líneas avanzadas.

En 1997 se realizó otro estudio de campo en Palmira para identificar caracteres de la hoja que se relacionen con la tolerancia a la sequía de líneas endogámicas recombinantes (LER) de frijol común. Las LER se derivaron de un cruzamiento simple entre los genotipos Mesoamericanos SEQ 7 y AER 475. SEQ 7 es progenie de dos progenitores tolerantes de la sequía: BAT 477 y San Cristóbal 83. AER 475 es una línea mejorada sensible a la sequía. Se hicieron selecciones de plantas individuales en la generación F7 y se multiplicó semilla para los ensayos de rendimiento. Se seleccionaron seis LER para determinar algunas características de la hoja en la mitad de la etapa de llenado de las vainas. Las LER se cultivaron en condiciones de sequía con riego y de sequía con lluvia natural, haciendo tres repeticiones. Los detalles de la siembra y del manejo del cultivo fueron similares a los descritos en el estudio anterior. Entre los caracteres medidos estaban el contenido foliar de K, de Ca y de ceniza, y los carbohidratos totales no estructurales de las hojas completamente expandidas. El rendimiento de semilla se midió en la cosecha final.

Las diferencias genotípicas en rendimiento de semilla y las características de la hoja se indican en el Cuadro 17. Se observó una notoria reducción en el rendimiento de semilla en condiciones de sequía, en comparación con el obtenido en condiciones de riego. El genotipo 1213 presentó una tolerancia sobresaliente de la sequía. Esta gran tolerancia de la sequía se relacionó con el bajo contenido de K y de carbohidratos totales no estructurales en las hojas completamente expandidas (o sea, maduras) en la mitad de la etapa de llenado de las vainas. Los informes publicados sobre otras leguminosas de grano revelaron correlaciones negativas entre el contenido de ceniza —o de Ca— de las hojas y el rendimiento de semilla, en condiciones de sequía. En el frijol común, no se encontró relación alguna entre el contenido de ceniza —o de Ca— de las hojas y el rendimiento de semilla.

Conclusiones

Este estudio de campo indica que los genotipos de frijol común que estén genéticamente adaptados pueden movilizar el K foliar y los carbohidratos totales no estructurales (producto de la fotoasimilación) a las hojas jóvenes y a las semillas en desarrollo durante el llenado de las vainas, y en condiciones de sequía en sitios en que la humedad del suelo limite la producción agrícola. Es necesario evaluar la utilidad de estas dos características de la hoja como criterios de selección para evaluar la tolerancia de la sequía que tengan los genotipos de frijol.

Cuadro 17 . Diferencias genotípicas en el rendimiento de grano y en las características de la hoja de 6 líneas endogámicas recombinantes (LER) derivadas de un cruzamiento simple entre los genotipos Mesoamericanos SEQ 7 y AFR 475, cultivados en campo bajo condiciones de sequía con lluvia natural y con riego, durante 1997 en Palmira, Colombia.

Tratamiento	Genotipo	Rendimiento de semilla (kg/ha)	Características de la hoja			
			K foliar (%)	Ca foliar (%)>	Ceniza foliar (%)	CTN de la hoja (mg/g)
De riego	1126	707	2.07	2.75	18.2	98.8
	1173	928 ■	1.08	13.47	16.7	109
	1180	1174	1.46	3.21	17.8	74.4
	1198	1367	1.48	3.32	17.6	96.6
	1202	718	1.64	4.64	17.2	142
	1213	880	1.68	7.94	16.3	147
	Medio	962	1.57	5.88	17.3	111
De sequía	1126	316	1.04	9.47	16.9	92.8
	1173	489	0.92	3.90	18.9	75.3
	1180	472	1.01	3.66	18.9	61.9
	1198	320	1.09	3.23	13.8	76
	1202	456	0.96	6.05	15.8	123
	1213	755	0.75	3.74	17.3	63
	Medio	468	0.96	5.00	16.9	8.2

Actividad 2.1.1 Desarrollo de cruzamientos con resistencias múltiples

Mejoramiento de frijol Andino de grano grande con resistencia múltiple a factores bióticos y abióticos

Para cada una de las tres clases de frijoles Andinos más importantes, a saber, rojos grandes, rojos moteados y cremas moteados, para Panamá y los países del Caribe, se hizo un total de 58 cruzamientos de múltiples progenitores en 1997. Este esfuerzo es, en verdad, notable porque cada cruzamiento contiene genes de resistencia para tres o más tipos de estrés, por lo menos — algunos incluyen resistencia al virus del mosaico dorado — y porque básicamente estos cruzamientos se desarrollaron a partir de cero. Se producirá semilla de estos cruzamientos, libre de patógenos, para distribuirla a los países miembro de PROFRIJOL a mediados de 1998.

Actividad 2.1.2 Apoyo a NARs

Distribución de padres donantes y poblaciones segregantes, y Asistencia Técnica

El número de progenitores portadores de genes útiles que se someterán a evaluación y luego a hibridación en el programa local, junto con el número de poblaciones segregantes (F_2 - F_4) enviadas a los mejoradores de programas nacionales, se indica en el Cuadro 5. El proyecto prestó asistencia y trabajó con los mejoradores en la evaluación y selección de estas poblaciones en Costa Rica, Honduras y México.

Adiestramiento y Asistencia a Reuniones

En el primer semestre del año (abril-mayo) se realizó un curso intensivo de mejoramiento, de tipo "aprender haciendo", para mejoradores de frijol de República Dominicana, Honduras, México, Guatemala y Panamá. Este curso permitió a los mejoradores familiarizarse con avances recientes en la recombinación de genes, en metodologías de evaluación y selección, y en el intercambio de información y de germoplasma. Igualmente se participó en la reunión anual del PCCMCA en Panamá.

PLAN OPERATIVO ANUAL 1997-1998

PROYECTO 3. AMPLIACION DE LA BASE GENETICA Y ESTUDIO DE LA
DIVERSIDAD PATOGENICA

SUBPROYECTO 3.2. CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA

RESPONSABLE: F.J Morales

RESULTADO R.3. Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a los principales
factores bióticos y se caracterizó la diversidad de los patógenos
del frijol.

ACTIVIDADES S.3.2	METAS	PRESUPUESTO
3.2.1 Evaluación de padres potenciales para Mosaico Severo (BSMV) y Mosaico Dorado del Frijol (BGMV)	Evaluar la colección core de frijol y líneas con el gen bc3	1,500
3.2.2 Selección por resistencia a BSMV y BGMV	Evaluar 1,000 líneas	1,500
3.2.3 Desarrollo de líneas		
3.2.4 Apoyo a NARs en diagnosis de virus	Recolectar virus en República Dominicana, Haití, Cuba y C. América	4,000
PRESUPUESTO TOTAL S.3.2		7,000

SUBPROYECTO 3.2 Caracterización de la Diversidad Patogénica

Actividad 3.2.1 Evaluación de padres potenciales

Mosaico Severo (BSMV)

El mosaico severo del frijol (BSMV) continúa siendo una amenaza para las variedades mejoradas de frijol en Centroamérica. Este complejo de virus perteneciente al grupo del virus del mosaico severo del caupí, es transmitido eficientemente por una de las plagas más comunes del frijol en la región: los crisomélidos. Esta enfermedad, la cual se manifiesta como mosaico en materiales no mejorados, y como necrosis en materiales mejorados (particularmente los que poseen resistencia de tipo dominante al virus del mosaico común del frijol (BCMV), incide con mayor frecuencia en países como El Salvador, Honduras, Guatemala y Nicaragua. La asociación frijol-maíz agrava en gran manera el problema, debido a la relación biótica que existe entre el maíz y ciertas especies de crisomélidos, en especial *Diabrotica* spp.

Los trabajos realizados en la Unidad de Virología del CIAT hasta el momento, han aportado un conocimiento de la genética de patogenicidad y resistencia entre el frijol común y el BSMV. Como se ha reportado, existe en frijol resistencia de tipo recesivo, la cual gobierna la interacción entre los genotipos de frijol y el BSMV, dando como resultado la expresión de diferentes grados de mosaico. Existe también la interacción entre el gen dominante I, que protege las variedades de frijol contra el mosaico común, y el BSMV, la cual resulta en la mayoría de los casos, en la expresión de necrosis y posterior muerte de la planta. Por último, se ha detectado un gen dominante, diferente al gen I, el cual es responsable por la muerte apical de plantas jóvenes de frijol expuestas al BSMV. Este gen letal, se encuentra en algunos genotipos mesoamericanos, y debe ser eliminado en los trabajos de cruzamiento y de aquellos genotipos comerciales que poseen este gen. Ejemplos de estos materiales son: Honduras 46, Arbolito Retinto y DOR 364.

Mosaico Dorado (BGMV)

El gran progreso realizado por PROFRIJOL en el desarrollo de variedades de frijol resistentes al virus del mosaico dorado del frijol (BGMV), es visible en la mayoría de los países centroamericanos que han evaluado y adoptado los materiales mejorados por su resistencia a esta devastadora enfermedad viral. En 1997, estuvimos presentes en la liberación de otras dos variedades de frijol resistentes al BGMV en Honduras: las variedades DICTA 113 y 122. Las parcelas demostrativas organizadas para el día de campo por el Dr. Federico Rodríguez, representante de PROFRIJOL, mostraron claramente a las autoridades del Ministerio de Agricultura de Honduras, y a los participantes en este evento, la superioridad manifiesta en los niveles de resistencia de estas dos nuevas variedades al mosaico dorado. La liberación de variedades resistentes al principal problema biótico del frijol en importantes regiones frijoleras, como el valle de Comayagua en Honduras, cobra una mayor importancia en esta época, cuando los demás cultivos hortícolas no tradicionales o de exportación, como el pimentón o chile y el tomate, que desplazaron en años anteriores al frijol, están siendo severamente afectados por geminivirus similares al BGMV, transmitidos por mosca blanca.

Actividad 3.2.2 Selección por resistencia

Mosaico Severo (BSMV)

En 1997, se continuó la búsqueda de materiales parentales con resistencia al BSMV, dentro de la colección élite de frijol. Hasta el momento van 1.000 accesiones evaluadas, dentro de las cuales predominan los genotipos que reaccionan con diversos grados de mosaico. Algunos de estos genotipos pueden ser utilizados como materiales parentales, considerando el bajo grado de expresión de síntomas que presentan. Alternativamente, se ha venido evaluando líneas avanzadas de materiales que poseen el gen recesivo *bc-3*, el cual protégé contra todas las cepas conocidas de mosaico común y permite la selección de granos con color comercial, en especial los rojos, evitando los problemas de oscurecimiento del grano que presentan los genotipos mesoamericanos que poseen resistencia del tipo monogénica dominante al mosaico común. Estos materiales están siendo seleccionados para combinarlos con las fuentes de resistencia al BGMV.

Mosaico Dorado (BGMV)

Durante 1997, La Unidad de Virología trabajo en la identificación de nuevas fuentes de resistencia para mosaico dorado, con énfasis en materiales parentales provenientes de cruzamientos interespecíficos entre especies de *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. polyanthus* y materiales silvestres. En 197 se evaluaron y seleccionaron individualmente un total de 11.000 plantas en condiciones controladas de invernadero, donde cada planta individual es sometida al mismo tratamiento de inoculación con el BGMV, para evitar escapes. Estos han sido trabajos de apoyo al mejoramiento de frijoles mesoamericanos, principalmente de grano negro, realizados por el Dr. S. P. Singh, mejorador del CIAT. Los resultados de estos trabajos serán reportados en esa sección de mejoramiento genético de frijol mesoamericano.

Dentro de la búsqueda de materiales parentales con resistencia al BGMV, se desarrolla un trabajo paralelo de utilización de **marcadores moleculares**, con el fin de hacer más eficiente la selección de genes de resistencia al BGMV, provenientes de diferentes acervos genéticos, tales como los genotipos de la raza Durango, Nueva Granada, y Mesoamerica. Estos marcadores moleculares han sido también desarrollados por científicos norteamericanos para la identificación de genes indeseables, como el gen responsable por el enanismo que se observa en genotipos derivados de algunos materiales de raza Andina o Nueva Granada, como el DOR 303, y los genotipos Pompadour, G y J, utilizados en el mejoramiento genético de variedades caribeñas, por su resistencia al BGMV. Dentro de los trabajos de confirmación realizados por la Unidad de Virología en 1997, con el fin de constatar la confiabilidad de marcadores moleculares desarrollados para seleccionar genes de resistencia al BGMV, se evaluaron por métodos tradicionales, 91 líneas seleccionadas con marcadores moleculares en el CIAT. Los resultados arrojados por la evaluación tradicional de invernadero para el BGMV, demostró que la confiabilidad de los marcadores moleculares aún no alcanza un porcentaje satisfactorio, y que posiblemente existan otros genes complementarios que no están siendo detectados, pero que son parte del pool de genes de resistencia que se piramida actualmente en el CIAT, en el proyecto de mejoramiento genético de mosaico dorado. Actualmente, se realizan evaluaciones con materiales seleccionados con otros marcadores moleculares, con el fin de determinar una vez más el grado de confianza que un mejorador puede tener en este método de selección.

Actividad 3.2.3 Desarrollo de líneas

La Unidad de Virología rutinariamente realiza el tamizado de todos los materiales genéticos de frijol que se desarrollan para la América Central, México y el Caribe, por su resistencia al mosaico común del frijol (BCMV). En el presente año se inicia un proyecto de substitución del gen / dominante por el gen recesivo *bc-3*, como se explicó anteriormente, para controlar el problema de mosaico común y mosaico severo en Centroamérica. Este trabajo demanda un mayor esfuerzo, dada la segregación limitada de materiales que poseen los dos tipos de resistencia, y la necesidad de modificar el proceso de evaluación y selección de genotipos que posean el gen *bc-3*. En el caso del mosaico dorado, se continua confirmando o seleccionando líneas avanzadas por su reacción o resistencia al BGMV. En 1997, se evaluaron 91 líneas avanzadas seleccionadas por su resistencia al BGMV.

Actividad 3.2.4 Apoyo a NARs en diagnosis de virus

La Unidad de Virología coordina un proyecto sobre mosca blanca y geminivirus en cultivos mixtos, incluyendo el frijol, para la América Central, México y el Caribe, el cual complementa las actividades de PROFRIJOL. Más específicamente, el proyecto financiado por el Gobierno Danés (DANIDA) está apoyando un estudio de caso sobre el impacto socio-económico de los geminivirus, como el BGMV, en los productores de los valles de Monjas, Guatemala, y Comayagua, Honduras. Se espera que las actividades programadas en 1997 para ser realizadas en 1998, nos permitan apreciar la problemática del frijol, en relación a otros cultivos no tradicionales que compiten con el frijol en estas regiones. Este tipo de estudio es importante para la estabilidad en la producción de alimentos en el área de PROFRIJOL, en vista de los cambios provocados por la globalización de la economía, los cuales han contribuido a desplazar cultivos como el frijol, y a crear nuevos problemas fitosanitarios y de otras índoles, para el cultivo del frijol.

PLAN OPERATIVO ANUAL 1997-1998

PROYECTO 3. AMPLIACIÓN DE LA BASE GENETICA Y ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA

SUBPROYECTO 3.3. APOYO A LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO

RESPONSABLE: S.Beebe

RESULTADO R.3. Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a los principales factores bióticos y se caracterizó la diversidad de los patógenos del frijol.

ACTIVIDADES S.3.3	METAS	PRESUPUESTO
3.3.1 Completar mapa genético con más marcadores	Tener 150 marcadores en el mapa	7,000
3.3.2 Seleccionar marcadores en poblaciones	Evaluar 1,000 plantas segregantes	3,000
PRESUPUESTO TOTAL S.3.3		10,000

SUBPROYECTO 3.3. Apoyo a los Programas de Mejoramiento

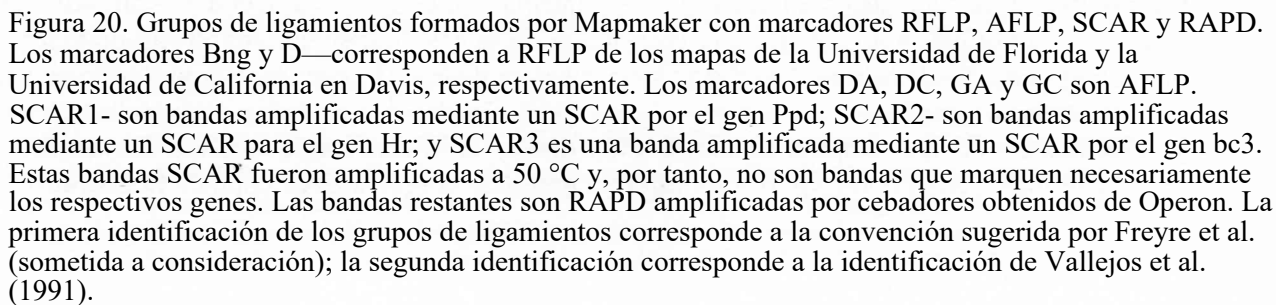
Actividad 3.3.1 Completar mapa genético con más marcadores

Creación del mapa genético

En 1996 se informó acerca de los avances obtenidos con la elaboración de un mapa genético para identificar QTL relacionados con una mayor longitud de la raíz, un factor que se considera mecanismo importante de la tolerancia del bajo P. Las sondas obtenidas de la Universidad de Florida y de la Universidad de California en Davis se analizaron en los dos progenitores, en combinación con cinco enzimas de restricción diferentes. De 101 sondas, el 80% eran polimorfas con una enzima o más. Un total de 56 sondas se analizaron en las líneas endogámicas recombinantes (LER) para crear un marco de RFLP. En el último año se adicionaron muchos marcadores más al mapa para saturarlo y aumentar su utilidad en la marcación de genes útiles: se mapearon 44 marcadores AFLP y 140 RAPD. Se analizaron un total de 240 marcadores mediante el programa Q-Gene, desarrollado por la Universidad de Cornell, para crear un mapa de ligamientos con un alto grado de saturación (Figura 20) y para determinar el ligamiento de marcadores a los loci de los QTL que controlan los caracteres de la raíz, la absorción de P, el tamaño de la semilla y la resistencia a mancha angular de la hoja, antracnosis y virus del mosaico dorado del frijol (BGMV, su acrónimo en inglés).

Marcación de los caracteres de la raíz en la población de DOR 364 x G19833

Se identificaron dos genotipos que contrastaban respecto al vigor de su sistema radical. DOR 364 es un cultivar mesoamericano de semilla pequeña con un sistema radical grueso, no fibroso, que presenta rendimientos relativamente bajos en condiciones de deficiencia de P. G19833 (Chaucha Chuga) es una variedad criolla peruana de semilla grande, proveniente del acervo de genes andino; G19833 tiene un sistema radical extenso y fibroso en condiciones tanto de deficiencia como de suficiencia de P. Se desarrollaron Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) de estos dos progenitores y, en 1994, se sembraron 71 de estas líneas, con 3 repeticiones, en condiciones de suficiente P y de deficiencia de P en un suelo Andisol en Darién, Colombia. Los sistemas radicales se extrajeron del suelo manualmente y luego se pesaron. Se tomó una muestra representativa de cada sistema radical para escanearla con el programa Delta-T-Scan que permite analizar la longitud total de la raíz, la proporción de raíces de diversos rangos de diámetro, y el diámetro promedio de la raíz. Los datos de la muestra de la raíz se extrapolaron a todo el sistema radical, en base peso/peso. Se obtuvieron parámetros fisiológicos estándar de las raíces, los tallos y la biomasa total, así como la absorción total de P y el % de P en los tejidos. El tamaño de la semilla se midió en gramos por 100 semillas en muestras cosechadas en condiciones de alto P.



Se identificaron hasta 16 loci, lo que explica por lo menos 5% de la variabilidad en la longitud de la raíz en condiciones de bajo P. De estos loci, los seis QTL más importantes representaron el 46% de la variabilidad en el modelo de regresión múltiple (Cuadro 18) . La inclusión de QTL adicionales no mejoraba esta cifra en forma significativa. En cualquier caso, si algún día han de seleccionar QTL en programas de mejoramiento funcionales, es importante garantizar que el QTL bajo selección en verdad tenga el impacto deseado en la absorción de nutrimentos. Por tanto, también se estudió el efecto de los QTL en la absorción de P. Sólo 5 de los QTL que afectan la longitud de la raíz en condiciones de bajo P ejercieron también un efecto significativo en la absorción de P. Curiosamente, el QTL que tuvo mayor efecto en la absorción de P en condiciones de bajo P (15%) ni siquiera estaba relacionado con la longitud de la raíz. Este QTL es originario de DOR 364, lo que sugiere que los genes que afectan parámetros distintos de la longitud de la raíz también afectan la absorción de P. Estos parámetros pueden ser el diámetro de la raíz, la longitud de los pelos radicales, o los mecanismos de movilización de P, por ejemplo la acidificación de la rizosfera. Se sabe que genotipos parentales difieren respecto a estos últimos dos caracteres también. La población de LER se está evaluando en la Universidad Estatal de Pennsylvania. Los datos preliminares sugieren que las raíces basales desempeñan un papel importante en la absorción de P, mientras que la raíz axonomorfa no tiene efecto en la absorción de P.

Cuadro 18. Variabilidad (R²) en cuatro caracteres explicada por marcadores moleculares.

Marcador	Grupo de ligamiento*	Longitud total de la raíz		Biomasa		Absorción de P		Peso de 100 semillas
		P-	P+	P-	P+	P-	P+	P+
M129G	Chrom 11	0.2188	0.0511	0.1726	0.0757	0.0799	0.1025	0.235
AK066G	Chrom 4	0.1509	0.0509	0.0911	0.0557	0.0736	0.0119	0.0482
II073D	Chrom 8	0.1411	0.0022	0.0169	0.0284	0.0024	0.0286	0.0085
V103G	Chrom 9	0.1231	0.0186	0.0076	0.086	0.0102	0.0581	0.0659
D052	Chrom 10	0.1145	0.0297	0.0034	0.0169	0.0112	0	0
Bng091	Sin ligamiento	0.1043	0.1377	0.034	0.041	0.0058	0.0171	0.0274
MODEL	RSq ajustado	0.464	0.079	0.174	0.106	0.17	0.095	0.27

El mapeo de genes respecto al tamaño de la semilla reveló que el QTL que afectó la longitud de la raíz a menudo se relaciona con el tamaño de la semilla también. Se observaron cinco de estos casos, lo que sugiere que se están detectando algunos efectos generales de los genes en relación con los órganos más grandes de la planta que pueden relacionarse directa o indirectamente con el tamaño más grande de las células. En la Figura 21 se presenta un mapa de grupos de dos ligamientos, ilustrando los efectos de los QTL tanto en la longitud de la raíz como en el tamaño de la semilla, así como otros efectos de la longitud de la raíz que son independientes del tamaño de la semilla.

Esta experiencia demuestra que es necesario una estrecha coordinación entre los fisiólogos vegetales y los genetistas para especificar mecanismos, empezando a nivel del gen hasta llegar a nivel de procesos de la planta.

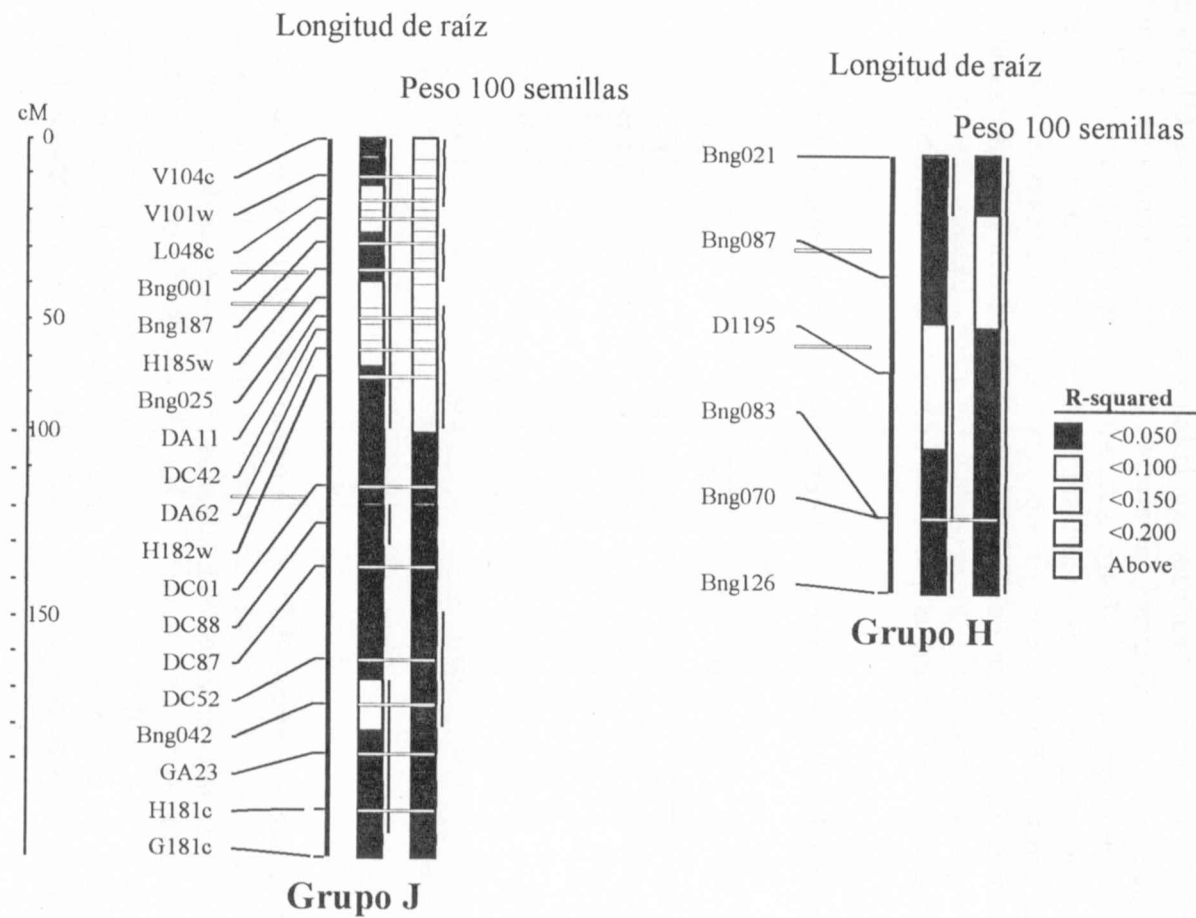


Figura 21. Mapa de grupos de dos ligamientos ilustrando los efectos de los QTL en la longitud de la raíz y en el tamaño de la semilla

Marcación de los genes de la mancha angular de la hoja y de la antracnosis

La identificación y la marcación de genes individuales por resistencia a la mancha angular de la hoja (ALS, su acrónimo en inglés) se han quedado atrás con respecto a otras enfermedades como la antracnosis. La existencia de un mapa genético para el cruzamiento DOR 364 x G19833 ofrece la oportunidad de avanzar rápidamente en este sentido. Una evaluación inicial de los dos genotipos parentales indica que contrastan en su respuesta a algunas razas andinas y mesoamericanas de la mancha angular de la hoja. La accesión G19833 ha mostrado resistencia a la mayoría de las accesiones mesoamericanas del patógeno, y sus genes podrían ser de gran valor para América Central. Las LER de este cruzamiento se han evaluado para poder mapear los genes responsables de las diferencias en respuestas. Se han identificado dos cromosomas que son especialmente importantes para esa resistencia: los números 3 y 10, siendo este último el más importante de los dos. Ambos cromosomas presentan segmentos múltiples que contribuyen a la resistencia. No se sabe si estos segmentos representan diferentes genes o el mismo gen repetido varias veces. Para determinar si a la larga estos genes serán útiles, deberán evaluarse individualmente con diversas razas de mancha angular de la hoja. Este trabajo revela la herencia de la resistencia controlada por genes de origen andino en la accesión G19833.

DOR 364 y G19833 también son contrastantes por su reacción a antracnosis. G19833 ha sido resistente a todas las razas con las cuales se ha probado hasta ahora. Evaluación de los progenies con dos razas mesoamericanas revela dos loci independientes. Aunque la combinación de estos genes en el G19833 parece conceder una resistencia amplia, aún no se sabe el valor de estos genes individualmente ante un rango amplio de razas. Sin embargo, suponemos que por lo menos uno de los genes sea de origen andino. La amplia resistencia de G19833 es una muestra del nivel de resistencia que se puede lograr, especialmente para la región mesoamericana, con el uso de genes andinos.

Mapeo de genes para BGMV

La población de DOR 364 x G19833 también está segregando por resistencia a BGMV. Aunque estos genes han sido marcados anteriormente en Puerto Rico, fue provechoso evaluar los progenies para poder mapear los genes y ver su relación en el mapa a genes para otros caracteres. Los progenies fueron evaluados en el campo en Puerto Rico por el Dr. James Beaver en el verano de 1997. También fueron evaluados dos veces en el invernadero por el Dr. Francisco Morales. Así que los genes fueron mapeados según tres conjuntos de datos. Solo dos genes fueron importantes en todas las tres evaluaciones: uno de estos en cromosoma 4 fue de mayor importancia, y el otro de poca importancia. Otros 5 genes fueron importantes en dos de las 3 evaluaciones. Varias regiones se expresaron en invernadero y en campo; sin embargo el gen que fue más importante en las 2 evaluaciones de invernadero no fue importante en el campo.

Actividad 3.3.2 Seleccionar marcadores en poblaciones

Desarrollo de un Sistema para MAS (Selección Asistida por Marcadores)

En 1996 se informó que se habían desarrollado marcadores SCAR basados en PCR para dos genes importantes de resistencia, uno para el añublo bacteriano común (CBB, su acrónimo en inglés) y otro para el virus del mosaico dorado del frijol (BGMV, su acrónimo en inglés). En 1997 estos genes se implementaron en poblaciones de mejoramiento. Casi 1000 plantas segregantes Fi se analizaron en un esquema de selección gamética por presencia de marcadores. Las relaciones observadas de segregación más o menos concordaban con las expectativas. Ya que este era el primer intento de aplicar marcadores en gran escala, el proceso fue lento e ineficiente. Se intentó utilizar una preparación de ADN alcalina, pero el grado de éxito fue variable. Según parece, SCAR para resistencia al BGMV presenta una muy buena amplificación con esta preparación de muestra, pero los resultados de SCAR para resistencia al CBB fueron inestables y fue necesario hacer amplificaciones repetidas. Se debe incrementar progresivamente el uso de marcadores moleculares en la selección para que este sea una operación de rutina eficiente. Sin embargo, colegas en diversos laboratorios están trabajando sobre el mismo problema y es probable que, en un futuro cercano, se hagan avances continuos en este sentido.

Cuadro 27. Efecto del estrés por déficit hídrico en las diferencias genotípicas de características de crecimiento de la planta, a los 65 días de la siembra.

Genotipo	Nivel de estrés hídrico	Peso seco total por planta (g)	Biomasa raíz por planta (g)	Longitud raíz por planta (m)	Producción vainas por planta (mg)	Rendimiento Por Planta (mg)
SEA-5	Control	6.7	0.75	51	0.60	0.38
TR 7791-26		6.8	0.65	47	0.60	0.58
Apetito		7.4	1.20	39	0.74	0.66
A 750		7.0	0.55	-	0.54	-
SEA-5	Moderado	4.8	0.45	40	0.56	0.50
TR 7791-26		4.8	0.25	33	0.44	0.44
Apetito		4.4	0.30	24	0.58	0.44
A 750		3.3	0.40	32	0.24	0.0
SEA-5	Severo	2.3	0.30	23	0.38	0.35
TR 7791-26		1.9	0.18	16	0.44	0.22
Apetito		2.4	0.21	21	0.44	0.38
A 750		1.6	0.25	21	0.0	0.0

Control = capacidad de campo; Moderado = 60% de capacidad de campo;
 Severo = 30% de capacidad de campo.

El estrés hídrico moderado (60% de CC) no mostró ninguna diferencia entre los genotipos tolerantes a la sequía y los susceptibles a la misma; en cambio, el estrés severo (30% de CC) sí lo hizo. En condiciones de estrés severo por humedad, Apetito mostró el mejor desempeño, seguido por SEA 5. La línea avanzada (A 750) presentó el rendimiento más bajo de semilla y la eficiencia de uso del agua más deficiente en condiciones de sequía. La línea hermana de SEA 5 (TR 7791-26) también mostró niveles marcadamente mayores de N y K en las hojas que SEA 5 (Cuadro 28).

Cuadro 28. Efecto del estrés por déficit hídrico en las diferencias de genotipos respecto al crecimiento de las hojas y el estado nutricional, a los 65 días de la siembra.

Genotipo	Nivel de estrés hídrico	Peso seco de hojas por planta (g)	N en hoja (%)	K en hoja (<%)	Ceniza en hoja (<%)
SEA-5	Control	2.05	1.85	0.80	13.5
TR 7791-26		1.45	2.30	1.30	17.5
Apetito		1.35	2.35	0.60	16.5
A 750		2.60	2.40	0.70	12.0
SEA-5	Moderado	1.45	1.80	0.70	17.0
TR 7791-26		1.25	2.25	1.15	17.5
Apetito		0.80	1.55	0.70	19.0
A 750		1.35	3.40	1.28	13.0
SEA-5	Severo	0.70	1.95	0.70	23.0
TR 7791-26		0.65	2.80	1.40	16.0
Apetito		0.60	1.28	0.45	21.0
A 750		0.79	3.10	1.45	21.0

Control = capacidad de campo; Moderado = 60% de capacidad de campo;
Severo = 30% de capacidad de campo.

Se encontraron correlaciones significativas entre los parámetros de la parte aérea y de las raíces de los genotipos seleccionados. El peso seco de la hoja estuvo altamente relacionado con el peso seco de la raíz ($r = 0.82$; $P < 0.01$). Esto nos lleva a una pregunta; ¿es un sistema radical grande responsable de un sistema más grande de parte aérea, como resultado de una mayor absorción de agua, o es un sistema radical grande un resultado de una mayor fotosíntesis por un sistema más grande de la parte aérea? La absorción de agua y el peso seco total de la hoja se correlacionaron significativamente ($P < 0.01$). La fotosíntesis es un proceso basado en el área, y los resultados de este estudio revelaron una correlación alta entre la absorción de agua y la longitud de raíz ($r = 0.78$) en vez de su peso ($r = 0.66$; $P < 0.01$). De igual manera, se encontró que el desarrollo del sistema radical (longitud total o su peso seco por planta) estaba marcadamente relacionado con el área foliar. Por consiguiente, la relación entre longitud de raíz y área foliar o entre longitud de raíz y biomasa de la parte aérea podría reflejar el equilibrio funcional entre la absorción de agua y la acumulación de materia seca. Esto significa que la alta relación entre longitud de raíz y unidad de área foliar o entre longitud de raíz y peso unitario de la parte aérea puede caracterizar a los genotipos, los cuales tienen mayor probabilidad de tolerar el estrés por sequía al tomar más agua por unidad de parte aérea.

Se encontró una correlación alta ($r = 0.83$; $P < 0.01$) entre área foliar y longitud de raíz. La longitud de raíz se asoció en forma significativa ($P < 0.01$) con la cantidad de agua extraída del suelo. Sin embargo, la relación entre longitud de raíz y peso seco unitario de la hoja, en lugar de la longitud de raíz sola, parecía estar relacionada con la tolerancia a la sequía. En condiciones de sequía, la longitud específica de la raíz fue mayor para los genotipos

tolerantes, pero no se encontró relación significativa entre esta relación y el rendimiento en condiciones de estrés por sequía. De igual manera, los genotipos tolerantes a la sequía presentaron la más alta eficiencia de uso del agua en condiciones severas de estrés por sequía. La cantidad de agua extraída del suelo se relacionó estrechamente ($P < 0.01$) con la longitud de la raíz y su peso. En condiciones de estrés por sequía, los genotipos tolerantes presentaron un sistema radical más largo y, por consiguiente, absorbían más agua que sus contrapartes susceptibles.

En este estudio, la relación entre longitud de la raíz y peso seco unitario de la hoja fue considerablemente mayor para Apetito y SEA 5 que para TR 791-26 y A 750 en condiciones de estrés severo por déficit hídrico. Sin embargo, A 750 mostró la relación más alta entre longitud de la raíz y unidad de biomasa de los brotes de todos los tratamientos. En efecto, el genotipo A 750 se caracterizó por una alta producción de hojas y de raíces y por un rendimiento muy bajo de semilla. Además, como lo indican los resultados del presente estudio, la mayor cantidad de materia seca se encuentra en las semillas. Por consiguiente, la relación entre longitud de raíz y peso unitario de la parte aérea debe ser mayor para A 750 que para otros genotipos. Obviamente, A 750 fue capaz de extraer más humedad del suelo, pero esta humedad se empleó principalmente para producir hojas y tallos en lugar de vainas y semillas. Esto puede deberse a su adaptación deficiente a las altas temperaturas durante el día.

Los genotipos tolerantes a la sequía (SEA 5 y Apetito) respondieron al estrés por déficit hídrico al aumentar la relación entre longitud de la raíz y área foliar, mientras ésta disminuyó para los dos genotipos susceptibles (TR 7791-26 y A 750). Esto indica que los genotipos tolerantes desarrollaron sistemas radicales más largos en vez de hojas más grandes a medida que se presentaban las condiciones de estrés. La longitud de la raíz también se correlacionó positivamente ($P < 0.01$) con el área foliar específica y con el contenido de carbohidratos no estructurales en la hoja. Sin embargo, se encontró una marcada correlación negativa ($P < 0.01$) entre la longitud de la raíz y los contenidos de Ca y Mg en las hojas y en los tallos. El peso seco de la hoja también se asoció positivamente ($P < 0.05$) con el contenido de clorofila y se relacionó negativamente con el contenido de ceniza en las hojas. A partir de este trabajo, se concluye que es muy probable que la relación entre longitud de la raíz y peso seco de la hoja indique tolerancia a sequía en los genotipos. Esta relación se correlaciona positivamente con el área foliar específica, porque la longitud de la raíz y el peso seco de la hoja se relacionan en forma significativa ($P < 0.01$) con el área foliar específica. Sin embargo, se encontró una correlación negativa ($P < 0.01$) entre área foliar específica y contenido foliar de ceniza ($r = -0.55$; $P < 0.01$). Por consiguiente, es muy probable que los valores más altos de área foliar específica y el menor contenido foliar de ceniza estén asociados con una mayor tolerancia a la sequía.

Este estudio de invernadero revela que los siguientes caracteres fisiológicos podrían estar relacionados con la tolerancia a la sequía en frijol: el N foliar, el K foliar, el contenido foliar de ceniza, la eficiencia de uso del agua y la relación entre longitud de la raíz y peso seco unitario. Los caracteres de la hoja mencionados anteriormente fueron reducidos por la sequía en el caso de los genotipos tolerantes a la sequía, mientras que aumentaron en condiciones de sequía en los genotipos susceptibles. El estrés por humedad ejerció una influencia positiva en la eficiencia de uso del agua y en la relación entre longitud de raíz y unidad foliar de los genotipos resistentes a la sequía, a diferencia de los genotipos

susceptibles. Se necesita investigar más sobre la función que desempeñan los carbohidratos no estructurales en la adaptación a la sequía y sobre la diferencia en los mecanismos de respuesta entre genotipos tolerantes a la sequía. Por ejemplo, tanto SHA 5 como Apetito se consideran tolerantes a la sequía, pero mostraron patrones opuestos de acumulación de solutos compatibles en las hojas. No obstante, la eficiencia de uso del agua y el rendimiento de semilla fueron altos para ambos genotipos cultivados en condiciones de estrés severo por déficit hídrico.

Conclusiones: El presente estudio reveló que el estrés por sequía redujo el crecimiento, la producción de materia seca de la parte aérea de la planta, el peso seco total, el número total de hojas, el área foliar, el peso seco total de la hoja, el rendimiento de vainas y el área foliar específica. En condiciones de estrés grave por déficit hídrico, el peso específico de la hoja, la densidad de la longitud de raíces, la relación entre longitud de raíz y peso seco unitario de la hoja, la eficiencia de uso del agua, el peso seco de la hoja y el rendimiento total de semilla y de materia seca fueron mayores para los genotipos tolerantes a la sequía que para los susceptibles. Tres caracteres fisiológicos se relacionaron con la tolerancia a la sequía: el contenido foliar de N, el contenido foliar de K y la relación entre longitud de la raíz y peso seco unitario de la hoja. [J. Majambere, J. Ricaurte, R. García e I.M. RaoJ.

1.3.2.2 Evaluación de la relación entre rendimiento de semilla y estado nutricional de la semilla en condiciones de sequía

- Se mostró que la adaptación genética sobresaliente de una línea mejorada (SEA 5) a las condiciones extremas de sequía estaba relacionada con el bajo contenido de fósforo en la semilla.

Justificación: El rendimiento de semilla es el resultado de muchos procesos que ocurren a diferentes escalas de tiempo y niveles de integración. La adaptación a la sequía, si se mide como el rendimiento de los cultivos, es también compleja debido a los muchos mecanismos complejos de la planta que se asocian con la resistencia a la sequía. La adaptación a los factores que no tienen que ver con la sequía (por ejemplo, el fotoperiodo, las enfermedades, etc.) puede tener un efecto significativo en el rendimiento de semilla, ocultando, por tanto, los atributos potencialmente superiores de resistencia a la sequía de las líneas de germoplasma. En consecuencia, la probabilidad de éxito en transferir una adaptación multigénica, como la resistencia a la sequía, mediante el mejoramiento podría mejorarse al seleccionar genotipos por componentes importantes de los mecanismos de resistencia a la sequía en vez de seleccionar a un nivel fenotípico funcional. Es necesario identificar y caracterizar los genotipos que tienen caracteres clave de eficiencia metabólica (por ejemplo, ajuste osmótico, eficiencia de transpiración y capacidad para remobilizar fotoasimilados para el llenado del grano). La recombinación genética de estos caracteres en genotipos comercialmente aceptables podría tener un impacto significativo en la producción de frijol y, por tanto, en la adaptación de esta planta a los ambientes propensos a la sequía.

El año pasado, indicamos que la adaptación genética sobresaliente de una línea mejorada (SEA 5) a condiciones extremas de sequía durante el crecimiento y desarrollo del cultivo se relacionaba con dos factores importantes: su capacidad para resistir la incidencia de una

enfermedad fúngica, *Macrophomina*, junto con la capacidad para movilizar los fotoasimilados y nutrimentos de las hojas y los tallos hacia las vainas, durante el llenado del grano. Este año evaluamos si el mejor comportamiento de SEA 5 está relacionado con las diferencias en la acumulación de fotoasimilados en relación con los minerales en las semillas. El estado mineral de las semillas podría proporcionar información sobre el desempeño integrado de los procesos de fotosíntesis y de translocación durante el llenado del grano. Se encontró una relación negativa entre contenido de ceniza en el grano (contenido de minerales) y rendimiento de grano para trigo y cebada (Aust. J. Plant Physiol. 25: 835-842, 1998; Agronomie 2: 127-132, 1994). Las diferencias en el patrón de acumulación entre los minerales y los fotoasimilados podrían ser la base fisiológica para la asociación negativa observada entre el rendimiento de semilla y el contenido de ceniza en el grano. La definición de las relaciones entre el rendimiento de grano y el estado nutricional de la semilla puede ayudar a identificar los caracteres específicos relacionados con la adaptación del frijol a la sequía. El desarrollo de procedimientos sencillos de selección para la adaptación a la sequía ayudará a incorporar los mecanismos de adaptación a la sequía en los genotipos agrónomicamente deseables dentro del programa de mejoramiento.

Materiales y métodos: El ensayo de campo en Palmira incluyó 14 genotipos de frijol: 11 mesoamericanos (BAT 477, DOR 364, SEQ 7, AFR 475, SEA 5, SEA 13, Carioca, G 6450, Durango 222, San Cristóbal 83, Río Tibagi) y 3 andinos (Calima, AND 774 y CAL 125). Los detalles de la siembra y el manejo del ensayo se reportaron anteriormente (PROFRUOL Informe Técnico Anual, 1997-98).

Resultados y discusión: Los resultados de la distribución de materia seca, el índice de área foliar, el rendimiento de grano y los componentes de rendimiento, y las características de la eficiencia de los nutrimentos fueron reportados anteriormente (PROFRIJOL Informe Técnico Anual, 1997-98; 1998-99).

Temperatura, precipitación y evaporación: Durante la estación de crecimiento del cultivo, las temperaturas máxima y mínima del aire fueron de 35.9 °C y de 15.1 °C, respectivamente, mientras que la radiación solar incidente varió de 8 a 22 MJ m⁻² d⁻¹. La precipitación total durante los dos meses (julio-agosto) del crecimiento activo del cultivo fue de solo 4.1 mm en comparación con la evaporación potencial (en bandeja) de 334 mm.

Rendimiento de grano y contenido de nutrimentos en la semilla: Las condiciones de temporal redujeron notablemente el rendimiento de semilla tanto de los genotipos andinos como de los mesoamericanos (Cuadro 29). Entre los 11 genotipos mesoamericanos, una de las líneas mejoradas, SEA 5, presentó excelente adaptación a las condiciones de temporal. Esta adaptación fue el resultado de la mayor absorción de N y de P, al igual que la mayor utilización de estos nutrimentos para la producción de grano (PROFRIJOL Informe Técnico Anual, 1998-99). Es importante señalar que esta línea mejorada también mostró, en condiciones de temporal, un contenido inferior de P y de N en la semilla. No obstante, los niveles de P y de N en la semilla de las plantas de SEA 5 bajo riego no fueron menores que los de los otros genotipos. Esto indica que SEA 5 puede estar transportando mayor cantidad de fotoasimilados a las semillas por unidad de P o de N. En condiciones de temporal aumentó el valor medio de contenido de N en la semilla, pero disminuyeron los

niveles de los otros nutrimentos medidos. El contenido de N en la semilla en condiciones de temporal fue mucho más alto en dos genotipos, DOR 364 y AFR 475. El valor más bajo de contenido de ceniza en la semilla en condiciones de temporal se observó en otra línea mejorada, SEQ 7. El contenido de K en la semilla fue notablemente mayor que el de Ca y P y también representó la mayor parte del contenido de ceniza en la semilla.

Cuadro 29. Variación genotípica en el rendimiento de grano de 14 genotipos de frijol, cultivados en condiciones de temporal y de riego.

Genotipo	Rendimiento (kg/ha)	Contenido en semilla (%)				
		N	P	K	Ca	Ceniza
Irrigado:						
AFR 475	566	4.21	0.45	3.42	0.43	4.27
AND 774	384	4.15	0.41	4.09	0.74	4.50
BAT 477	781	4.35	0.53	4.35	0.46	4.87
CAL 125	371	3.72	0.41	4.40	0.31	4.60
Calima	481	3.93	0.42	4.02	0.66	4.67
Carioca	577	4.48	0.46	3.93	0.44	4.53
DOR 364	446	4.13	0.49	4.19	0.28	4.93
Durango	832	3.74	0.41	4.10	0.62	4.80
Negro	856	3.70	0.48	4.12	0.46	4.27
Rio Tiba	754	3.80	0.44	4.16	0.51	5.27
SEA 13	785	4.07	0.48	4.25	0.28	4.53
SEA5	1316	3.99	0.45	4.40	0.37	4.60
SEQ 7	1128	4.38	0.47	3.76	0.30	4.53
San Cristobal 83	972	4.36	0.44	3.65	0.25	4.00
Media	732	4.07	0.45	4.06	0.44	4.60
DMS (P=0.05)	373	0.44	0.06	0.31	0.21	0.76
Temporal:						
AFR 475	11	5.16	0.46	2.53	0.12	4.47
AND 774	45	4.73	0.38	4.09	0.48	4.87
BAT 477	243	4.72	0.39	3.81	0.29	4.40
CAL 125	88	4.74	0.35	4.03	0.33	4.40
Calima	70	4.50	0.34	3.71	0.50	4.20
Carioca	10	4.68	0.40	3.61	0.54	4.20
DOR364	99	5.25	0.45	4.19	0.20	4.47
Durango	0
Negro	52	4.99	0.40	3.08	0.26	4.30
Rio Tiba	50	5.56	0.46	4.43	0.25	5.10
SEA 13	120	5.08	0.43	3.88	0.16	4.40
SEAS	422	4.28	0.32	3.78	0.25	4.47
SEQ 7	172	5.07	0.39	3.37	0.18	3.87
San Cristobal 83	174	4.76	0.42	3.65	0.27	4.07
Media	130	4.89	0.40	3.68	0.27	4.40
DMS(P=0.05)	142	0.48	0.08	1.61	0.21	0.56

Relaciones entre el rendimiento de grano y los nutrimentos presentes en la semilla: Entre los nutrimentos presentes en la semilla que fueron evaluados, el contenido de P en la semilla mostró una relación negativa muy significativa ($P < 0.01$) con el rendimiento de grano solamente en condiciones de temporal (Cuadro 30). El contenido de N en la semilla también se relacionó negativamente con el rendimiento de grano en condiciones de temporal. Otros nutrimentos presentes en la semilla (K y Ca) no presentaron relación significativa con el rendimiento de semilla en condiciones de temporal. El contenido de ceniza en la semilla refleja el estado de minerales totales en la semilla y mostró una relación negativa no significativa con el rendimiento de semilla, tanto en condiciones de temporal como de riego. Esta observación no concuerda con los resultados obtenidos en trigo y cebada.

Cuadro 30. Coeficientes de correlación (r) entre rendimiento final de grano (kg/ha) y contenido de nutrimentos en la semilla de 14 genotipos del frijol cultivados en condiciones de temporal y de riego en Palmira.

Carácter de la planta	Lluvia	Irrigado
N en semilla (%)	-0.39*	0.21
P en semilla (%)	-0.49**	0.24
K en semilla (%)	0.04	0.08
Ca en semilla (%)	-0.03	-0.31*
Ceniza en semilla (%)	-0.26	-0.14

*, ** Significativo a los niveles de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente

Conclusiones: Este estudio de campo indica que un mayor rendimiento de semilla de SEA 5 en condiciones de temporal podría estar relacionado con el bajo contenido de P en la semilla. Esta relación será estudiada empleando un mayor número de genotipos y de líneas recombinantes mejoradas, generadas a partir de progenitores contrastantes. [I.M. Rao, P. Troy, S. Beebe y J. Ricaurte]

1.3.2.3 Determinación de las diferencias de los genotipos en la adaptación a un nivel moderado de estrés por sequía

- Dos líneas mejoradas (SEA 5 y BAT 477) y un cultivar (Negro INIFAP) se adaptaron muy bien a niveles moderados de estrés por sequía.

Justificación: Se organizó un conjunto de 49 genotipos para evaluar la tolerancia a condiciones de baja fertilidad del suelo. Varios de los genotipos incluidos en este conjunto de materiales se conocían por su buen desempeño en condiciones de sequía. Se realizó un ensayo de campo en Palmira para evaluar las diferencias entre estos 49 genotipos y para identificar aquellos genotipos que se desempeñan mejor en condiciones de sequía.

Materiales y métodos: Se realizó un ensayo de campo en Palmira en 1998 (junio a septiembre) para determinar las diferencias en la tolerancia de condiciones moderadas de sequía. El ensayo de campo incluyó 49 genotipos de frijol. Los detalles de la siembra y el manejo del ensayo fueron similares a los reportados anteriormente (PROFRIJOL Informe Técnico Annual - 1997-98).

Resultados y discusión:

Temperatura, precipitación y evaporación: Durante la estación de crecimiento del cultivo, las temperaturas máxima y mínima del aire fueron de 32 °C y 17 °C, respectivamente, mientras que la radiación solar incidente varió de 10 a 25 MJ m² d⁻¹. La precipitación total durante los dos meses (julio-agosto) de crecimiento activo del cultivo fue de 108 mm en comparación con la evaporación potencial (medida en tanque A) de 303 mm. Estos resultados de la precipitación y la evaporación indicaron que el cultivo sufrió un déficit hídrico moderado durante su crecimiento y desarrollo activos.

Rendimiento de grano y características de la absorción de nutrimentos: En condiciones moderadas de estrés hídrico en campo, el rendimiento de semilla de 49 genotipos fluctuó entre 320 y 1560 kg/ha (Figura 23). Entre los genotipos evaluados, SEA 5, Negro INIFAP y BAT 477 se destacaron por su adaptación a condiciones moderadas de estrés hídrico. Es importante notar que SEA 5 y BAT 477 también se adaptaron muy bien a las condiciones de estrés severo por déficit hídrico (PROFRIJOL Informe Técnico Annual - 1997-98). Entre los 49 genotipos evaluados, el genotipo G 19833 presentó la adaptación más deficiente. De los 49 genotipos, 15 mostraron superioridad en cuanto a su desempeño frente al cultivar ampliamente sembrado, Carioca.

Entre los 49 genotipos, 18 fueron seleccionados por mediciones en la absorción de nutrimentos en condiciones de riego y de temporal. En condiciones moderadas de estrés hídrico, FEB 190 sobresalió por su capacidad para absorber nutrimentos (Cuadro 31). También se encontró que este genotipo se adaptaba muy bien a condiciones de baja fertilidad del suelo. Es posible que este genotipo puede haber desarrollado un sistema radical abundante que le ayudó a absorber mayores cantidades de nutrimentos y de agua en condiciones moderadas de estrés hídrico.

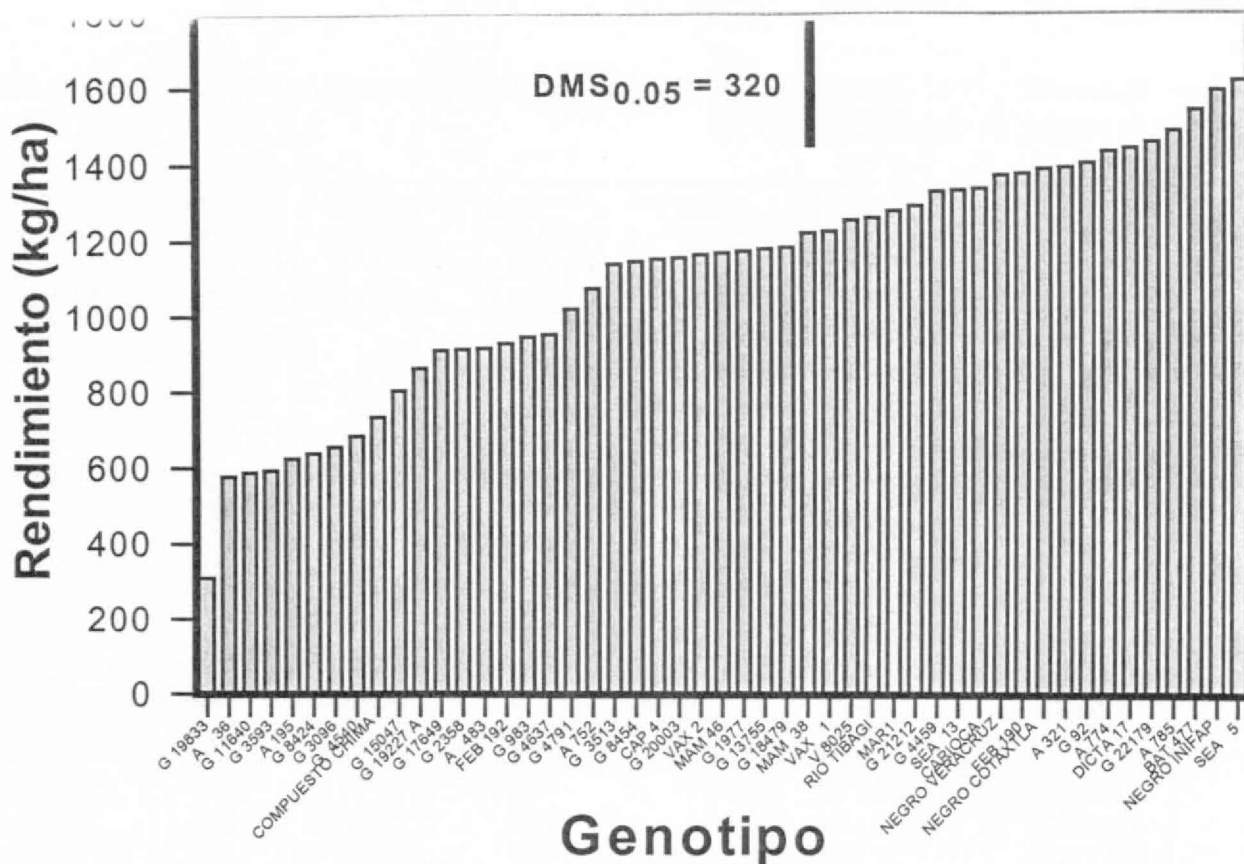


Figura 23. Diferencias en el rendimiento de grano de 49 genotipos cultivados en condiciones moderadas de estrés hídrico en Palmira en 1998.

Conclusiones: Este estudio de campo indicó que los dos genotipos (SEA 5 y BAT 477) que mostraron adaptación genética a condiciones de extrema sequía también pueden mantener su adaptación en condiciones moderadas de sequía. Además, las mediciones de la absorción de nutrientes en condiciones moderadas de sequía indicaron que una línea avanzada, FEB 190, la cual se identificó también como un genotipo bien adaptado a suelos de baja fertilidad, presentó también una mayor capacidad para absorber nutrientes en condiciones moderadas de sequía. [I.M. Rao, J. Ricaurte, H. Teran y S.P. Singh]

Cuadro 31. Diferencias en la absorción de nutrimentos de 18 genotipos cultivados en condiciones de riego y de temporal en Palmira.

Tratamiento	Genotipo	Indice de área foliar (n ² /m ²)	Absorción aérea de N (kg/ha)	Absorción aérea de P (kg/ha)	Absorción aérea de K (kg/ha)	Absorción aérea de Ca (kg/ha)	Absorción aérea de Mg (kg/ha)
Irigado:	G 19833	3.48	65.4	7.69	53.1	34.7	15.4
	A 36	3.36	112	12.1	88.6	58.6	24.9
	G 4540	5.20	81.8	11.1	92.4	47.8	16.7
	Compuesto chima 1	7.60	134	17.2	148	74.1	28.8
	A 483	3.68	107	15.5	106	60.2	19.2
	G 3513	4.18	108	15.0	122	64.3	22.4
	G 18479	3.24	83.5	14.3	103	35.3	13.9
	MAM 38	4.26	101	14.8	125	61.8	23.3
	VAX 1	3.68	118	17.1	130	62	20.4
	Rio Tibagi	4.59	126	21.0	163	68.9	25.1
	G 21212	4.27	145	22.6	159	69.0	23.7
	SEA 13	2.10	100	12.0	79.3	50.8	19.0
	Carioca	3.98	115	14.2	92.7	61.8	22.8
	FEB 190	3.75	110	13.9	135	48.2	22.2
	A 774	4.64	147	18.5	154	72.3	28.9
	DICTA 17	3.79	93.1	11.7	94.7	44.3	17.9
	BAT 477	3.94	144	20.3	148	64.3	26.0
	SEA 5	2.84	109	11.8	94.5	57.1	21.9
	Media	4.01	118	15.1	116	57.7	21.9
	DMS (P = 0.05)	2.16	55.5	7.5	54.5	28.2	11.8
Estrés moderado:	G 19833	3.29	68.0	6.91	55.9	41.9	17.4
	A 36	2.88	65.1	7.00	47.7	46.0	18.4
	G 4540	3.58	82.3	9.07	76.7	62.6	29.9
	Compuesto chimal	2.56	73.0	7.66	57.1	45.3	19.6
	A 483	1.87	49.7	6.15	43.5	33.3	13.4
	G 3513	2.83	73.4	8.28	56.3	45.0	19.7
	G 18479	2.25	61.2	7.41	48.1	46.8	19.4
	MAM 38	2.52	63.3	6.56	53.1	42.5	18.6
	VAX 1	2.78	60.1	6.70	50.4	47.9	18.6
	Rio Tibagi	3.09	81.2	10.2	71.4	53.7	25.3
	G 21212	2.16	52.2	6.00	41.6	37.3	18.3
	SEA 13	1.84	40.3	4.70	33.7	27.5	11.7
	Carioca	2.40	61.4	6.91	41.3	40.7	19.7
	FEB 190	3.56	106	12.0	84.4	55.9	29.4
	A 774	2.32	60.3	7.34	55.4	38.5	18.3
	DICTA 17	2.78	61.8	7.04	47.6	42.5	19.3
	BAT 477	2.45	56.2	7.04	49.5	46.2	21.4
	SEA 5	2.60	69.6	7.47	56.3	48.4	19.6
	Media	2.65	65.8	7.50	53.9	44.6	19.9
	DMS (P = 0.05)	0.85	26.1	3.48	18.3	16.0	10.3

PLAN OPERATIVO ANUAL 1999-2000

PROYECTO 2. MEJORAMIENTO GENETICO DE FRIJOL ANDINO
CARIBEÑO

SUBPROYECTO 2.1. DESARROLLO DE LINEAS Y VARIEDADES CON
RESISTENCIA A LIMITANTES BIOTICAS

RESPONSABLE: Mathew Blair

RESULTADO R.2. Se han desarrollado poblaciones segregantes, líneas y cultivares
con genes de resistencias a enfermedades y plagas

ACTIVIDADES S.2.1	METAS	PRESUPUESTO
2.1.1 Desarrollo de líneas de valor comercial con resistencias múltiples		
2.1.1.1 Desarrollo de cruzamientos con resistencias múltiples	Mas de 20 poblaciones desarrolladas con resistencias a factores múltiples	3,000
2.1.1.2 Evaluación y selección de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples	Mas de 500 familias evaluadas para factores múltiples	7,000
PRESUPUESTO TOTAL S.2.1		10,000

Actividad 2.1.1 Desarrollo de líneas de valor comercial con resistencias múltiples

2.1.1.1 Desarrollo de cruzamientos con resistencias múltiples

Selección de gametos en 47 poblaciones andinas

Justificación: El frijol andino se cultiva en una gama diversa de ambientes en toda América Latina y África Oriental. Muchos tipos de semilla están representadas en el acervo de genes andino, incluyendo el frijol rojo moteado, el amarillo, el rojo arriñonado, el cranberry y el great northern. El frijol rojo moteado (de tipos Pompadour, Nima y Calima) especialmente, es un tipo de grano andino muy popular que se consume en Bolivia, Colombia, Cuba, República Dominicana, Haití, Kenia, Malawi, Tanzania y Uganda. Generalmente se cultiva en los ambientes y climas más favorables, pero necesita ser tolerante del calor y de la sequía si va a mantener su posición o extenderse a nuevas zonas. Como es característico de muchos tipos de frijol, las actuales variedades rojas moteadas son atacadas por una amplia variedad de enfermedades y de insectos plaga. Aunque las líneas rojas moteadas individuales poseen niveles adecuados de resistencia a estas limitaciones específicas, no hay línea alguna que, por piramidación de genes, pueda reunir todos estos caracteres en un único genotipo. Por ejemplo, dos de las principales limitaciones en República Dominicana y Haití para los tipos tradicionales de frijol rojo moteado son el saltahojas y el VMDF. Por otra parte, las limitaciones más importantes en África son la mosca de frijol, el VMCF y la mancha angular. Nos gustaría desarrollar conjuntos de líneas rojas moteadas que tuvieran incorporados estos tipos de caracteres de resistencia. Por estas razones, se decidió usar los cruzamientos del progenitores múltiples y la selección de gametos para tratar de mejorar varios tipos de semilla andinos, especialmente los de grano rojo moteado.

Materiales y Métodos: Un grupo de 47 poblaciones de familias F_i , derivadas de F_j , F_4 y F_j , resultaron de cruzamientos múltiples realizados entre un progenitor comercial andino y 4 a 7 donantes de genes de resistencia y otros caracteres. Las poblaciones se cultivaron en Darién en 1999A en parcelas de 4 m. Se efectuaron selecciones másales, con base en las plantas con caracteres favorables -por ejemplo, buena arquitectura y pocos síntomas de enfermedad- para las poblaciones en las generaciones F_3 y F_4 . Se realizaron selecciones de plantas individuales con base en el fenotipo y en las características del grano para las poblaciones en las generaciones F_5 . Cada 10 hileras se cultivaron los genotipos testigo que incluyeron PVA773, Chocho, Calima, PVA1111, Montcalm, 1CA Quimbaya, AFR188, A36, CAL143 y A483.

Resultados: Se identificaron poblaciones másales y líneas que tenían tipos de semilla comercial muy buenos: rojo moteado, canario, flor de Mayo, great northern y cranberry. La presión de enfermedades fue suficiente para realizar selecciones respecto a roya, mancha angular y antracnosis. Las líneas $F_i:F_j$ se someterán a ensayos de observación en 1999B, mientras que las familias $F_4:F_j$ se cultivarán en Darién para realizar más selecciones de plantas individuales.

Conclusiones: Se desarrollaron nuevos genotipos mediante la selección de gametos de cruzamientos múltiples que combinaron buena arquitectura, tipo de grano semicomercial y

resistencia a varios agentes patógenos. Las poblaciones que habían sido seleccionadas anteriormente en Popayán también se adaptaron a Darién. La resistencia al saltahoja, al añublo bacteriano común y al añublo de halo fueron los criterios para incluir varios de los progenitores en los cruzamientos múltiples; sin embargo, ninguno de estos factores abióticos estuvo presente en este ambiente y no se pudieron usar para seleccionar por resistencia en las poblaciones. Por otra parte, se presentaron niveles moderados de roya, mancha angular, antracnosis y mustia hilachosa, y se pudo hacer selección respecto a la resistencia a estos agentes patógenos. [M. Blair, H. Teran, S. Beebej

Selección con ayuda de marcadores de líneas rojas moteadas resistentes al VMDF

Justificación: Los altos niveles de resistencia al VMDF son proporcionados por el gen mayor *bgm-1*, derivado de la línea mejorada A429, originalmente de la accesión Garrapato (raza Durango). Este gen ha sido incorporado ampliamente en las variedades de grano rojo pequeño (por ejemplo, Tío Canela) y en las de grano negro pequeño (por ejemplo, Turbo III), pero hasta ahora no se ha desplegado ampliamente en otros tipos de semilla o en el frijol andino. El VMDF es una enfermedad endémica en la zona donde se cultiva el frijol rojo moteado en el Caribe, y los brotes súbitos a veces conducen a epidemias extremas de la enfermedad, cuando las poblaciones del vector mosca blanca, *Bemisia tabaci*, son altas. Además, el biotipo del insecto vector que más prevalece en el Caribe (el biotipo “silverleaf” o “B”) es un mejor transmisor del virus. Por estas razones se ha emprendido un proyecto para mejorar el frijol rojo moteado con el gen de resistencia *bgm-1*.

Materiales y Métodos: Se seleccionaron cinco poblaciones derivadas de cruzamientos múltiples que incluían un progenitor rojo moteado y una generación segregante F_t por resistencia al VMDF, proveniente de un cruce doble de las poblaciones descritas en la sección anterior, porque contenían fuentes (Cuadro 32 en negrilla) del gen *bgm-1* de resistencia al VMDF.

Cuadro 32. Selecciones realizadas en poblaciones segregantes respecto al gen *bgm-1* de resistencia al VMDF.

Registra genealógico	Generación	No, de gametos	No. de selección Darién
PVA773 x ((PVASOOA x DOR482) x (Belmineb RMR-3 x Montcalm))	F ₊	4	Masal
(PVASOOA x AND277) x (PVA773 x ((EMP385 x A483) x (NW63 x A429)))	F ₄	5	Masal
(Calima x (MAM48 x A483)) x (PVA800A x ((EMP376 x A193) x (NW63x A429)))	FJ	4	137
(DRK138 x Pompadour) x (PVASOOA x ((DOR708 x G1344) x (A429 x A193)))	Fj	1	51
(PVA800A x AND277) x (PVA773 x ((EMP385 x A483) x NW63 x A429)))	F _s	1	51

Las poblaciones se cultivaron en Darién y en Popayán en 1999A, y se realizaron las cosechas másales por separado de las mejores plantas para cada una de las dos poblaciones F₄, mientras que se realizaron las selecciones de plantas individuales en cada una de las tres poblaciones F₅.

Resultados: Se seleccionaron un total de 9 poblaciones másales F₄R₅ y 338 líneas F₅:F₆ de las poblaciones que contenían el gen *bgm-1* de resistencia al BGMV, en su registro genealógico. El material se sembrará en el CIAT en la estación 1999B. Se harán selecciones de plantas individuales en las poblaciones másales de la generación anterior. Entretanto, se sembrará un ensayo de observación de hileras de progenies para hacer selecciones de plantas individuales de las plantas F₅ cosechadas de la generación anterior. Se extraerá el ADN de las plantas cultivadas en el campo y se examinarán para determinar la presencia del gen *bgm-1* con el marcador ligado SCAR (caracterización de secuencias de regiones amplificadas). Después de escoger plantas individuales con semilla roja moteada de estas poblaciones avanzadas, se espera determinar si las líneas resultantes son portadoras del gen de resistencia o no lo son. Se espera poder distribuir frijol rojo moteado resistente al VMDF a las redes de PROFRIJOL y PROFRIZA en el año 2000.

Conclusiones: Es muy prematuro concluir si estos genotipos se adaptarán a las zonas donde está presente el VMDF. Esta fue una de las razones para seleccionar un gran número de plantas individuales para crear líneas que se seleccionarían primero respecto al gen *bgm-1* y luego se someterían a ensayos de adaptación a otros ambientes. Después de combinar la selección del marcador SCAR con la multiplicación de semillas, se espera ofrecer estos materiales para ensayos en múltiples localidades el próximo año. (M. Blair)

2.1.1.2 Evaluación y selección de poblaciones, familias y/o líneas para factores múltiples

Uso del frijol silvestre en la identificación de QTL (loci de caracteres cuantitativos) para mejorar el rendimiento

Justificación: El germoplasma silvestre ahora se reconoce como una fuente importante de genes de rendimiento y de otros caracteres agronómicos y de calidad. El esquema de retrocruzamiento avanzado para incorporar alelos útiles de parientes silvestres no adaptados en el genoma de una especie cultivada (Tanksley y Nelson, 1996) ha demostrado ser una técnica promisoría para mejorar cultivos consanguíneos. El año pasado se lograron avances en el desarrollo de poblaciones para hacer introgresión de genes del frijol silvestre a frijol cultivado. Las poblaciones se prepararon retrocruzando dos veces híbridos de frijol cultivado x frijol silvestre con el progenitor cultivado. Se desarrollaron líneas mediante un método modificado de retrocruzamiento endogámico. Este año se tendrán los primeros datos de rendimiento de estas poblaciones.

Materiales y Métodos: Hasta el momento, se han evaluado dos poblaciones de cruzamientos con frijol silvestre. Estas dos poblaciones se derivaron de un progenitor andino recurrente (de la variedad de semilla grande rojo bolón 'Cerinza Radical'). Toda la

población se evaluó en la generación RC₂F₅ al menos en 2 sitios, cada uno con 2-6 repeticiones.

La primera de las poblaciones andinas se derivó del cruzamiento de Cerinza x G24390, un frijol silvestre de Nayarit, México. Esta población se evaluó en el campo en dos épocas de cultivo en Popayán y una vez en la época seca en Palmira. Una epidemia de *Ascochyta* afectó gravemente la siembra de la segunda época de cultivo en Popayán y no se cosechó. Esa misma población se envió también a Puerto Rico y a Panamá para evaluación; los datos de Puerto Rico ya están disponibles. Una segunda población andina se derivó del cruzamiento de Cerinza x G24404, un frijol silvestre colombiano. Esta población también se evaluó en dos épocas de cultivo en Popayán y resistió mejor el ataque de *Ascochyta* que la primera población, presentando rendimientos bajos pero informativos.

Para cada una de las cuatro poblaciones, se seleccionó un conjunto básico de 95 líneas que fue evaluado en ensayos de rendimiento sembrados en un diseño en látice de 10x10, junto con cinco variedades testigo. Se utilizaron cuatro repeticiones en la época seca en Palmira, dos en Puerto Rico y tres en los demás sitios. Se seleccionó un conjunto adicional de líneas para cada una de las poblaciones. Estas líneas se sembraron en ensayos sin repeticiones para observación y cálculos de rendimiento. Sin embargo, también se sembraron líneas adicionales de la población de Cerinza x G 24390 en un ensayo de rendimiento con repeticiones, durante la época seca en Palmira. Este ensayo constó de dos látices de 10x10 con cuatro repeticiones. En total, se evaluaron 300 líneas de esta población. Los números grandes son importantes para la exactitud estadística del análisis de QTL con la estructura de población de retrocruzamiento endogámico. Además de recopilar los datos de rendimiento, se determinaron los días a floración, los días a madurez y el peso de 100 semillas.

Resultados: Los resultados del ensayo de las poblaciones andinas muestran que los rendimientos se correlacionaron en forma significativa en las épocas de cultivo en el mismo sitio. En Popayán, una proporción de las líneas de introgresión de la población de Cerinza x G 24390 presentó un rendimiento significativamente mayor (en 400 kg/ha) que el progenitor recurrente, Cerinza. Los resultados no fueron significativos en Puerto Rico debido al alto coeficiente de varianza; sin embargo, allí hubo líneas que también superaron en rendimiento (en 400 kg/ha) al progenitor recurrente. Se observaron resultados similares durante ambas épocas de cultivo para la población Cerinza x G 24404, cuya distribución de 95 líneas RQFs se presenta en la Figura 24 a continuación.

Algunas de las líneas que superaron significativamente a Cerinza en términos de rendimiento presentaron semilla de tamaño más pequeño que Cerinza, pero algunas presentaron un tamaño de semilla y una apariencia similares a los de Cerinza. Mientras Cerinza presenta un grano rojo cuadrado de tamaño medio, algunas de las introgresiones de frijol silvestre produjeron semillas redondeadas de color rojo más oscuro, púrpura, negro, blanco o rojo moteado. El tipo de planta, los días a floración y los días a madurez de las líneas de introgresión fueron muy similares al progenitor recurrente. Muy pocas líneas de estas poblaciones presentaron crecimiento indeterminado o floración tardía.

Las diferencias observadas entre la ventaja de los cruzamientos silvestres en los acervos de genes mesoamericano y andino fueron inesperadas. Es posible que las líneas andinas se beneficiaron más de la incorporación de germoplasma silvestre debido a la diversidad más limitada del acervo de genes andino cuando se comparó con el acervo de genes mesoamericano. Es también posible que las introgresiones de frijol silvestre hayan ocurrido en el pasado con mayor frecuencia en el acervo de genes mesoamericano, captando, por tanto, los alelos benéficos que la accesión silvestre puede proporcionar. Posiblemente no ocurrió lo mismo con el frijol andino. Sería interesante cuantificar el potencial y la probabilidad de las introgresiones que van apareciendo desde el frijol silvestre hasta el frijol cultivado mediante la evaluación del rango en que tienden a superponerse más el frijol silvestre y el cultivado.

Conclusiones: Es muy prematuro sacar conclusiones finales. No obstante, puede afirmarse que se puede incorporar variabilidad adicional en el frijol cultivado a partir de cruzamientos amplios con accesiones silvestres. Se espera identificar la ubicación genómica de los genes de rendimiento que han sido sometidos a introgresión en el fondo genético del progenitor recurrente realizando un análisis de QTL que combine los datos de campo y los de laboratorio. Los marcadores moleculares serán un elemento necesario para hacer un seguimiento de los genes de rendimiento en estos cruzamientos. La identificación de genes de rendimiento importantes en este proyecto debe llevar a promover estudios más detallados. La selección con ayuda de marcadores será útil para transferir los genes de rendimiento en otros fondos genéticos. Ya se están haciendo los cruzamientos para recuperar QTL útiles a partir de este estudio inicial en otros tipos de semilla andinos (rojo moteado y rojo arriñonado). Puede emplearse el mapeo preciso alrededor de los QTL para determinar si los loci importantes son genes individuales o bloques de varios genes juntos.

Entretanto, se está desarrollando otras poblaciones derivadas de frijol silvestre de Argentina, México y el norte de Perú. Otras dos poblaciones de Cerinza cruzadas con progenitores silvestres de Argentina y México se están haciendo avanzar a la generación RC_2F_3 y también pueden usarse para el análisis de QTL. Las primeras poblaciones se evaluarán esta época de cultivo en un ensayo preliminar de rendimiento con repeticiones, mientras que los otros se evaluarán para identificar líneas promisorias. Es posible el ensayo de generaciones tempranas con la estructura familiar de retrocruzamientos avanzados ya que la selección ocurre entre las plantas F_1 y el retomo al tipo comercial es rápido. Los RC_2F_1 de la población final, Cerinza x la accesión silvestre peruana, fueron seleccionados en junio en Popayán y serán avanzados. [M. Blair, S. Beebe, A. Hoyos, G. triarte]

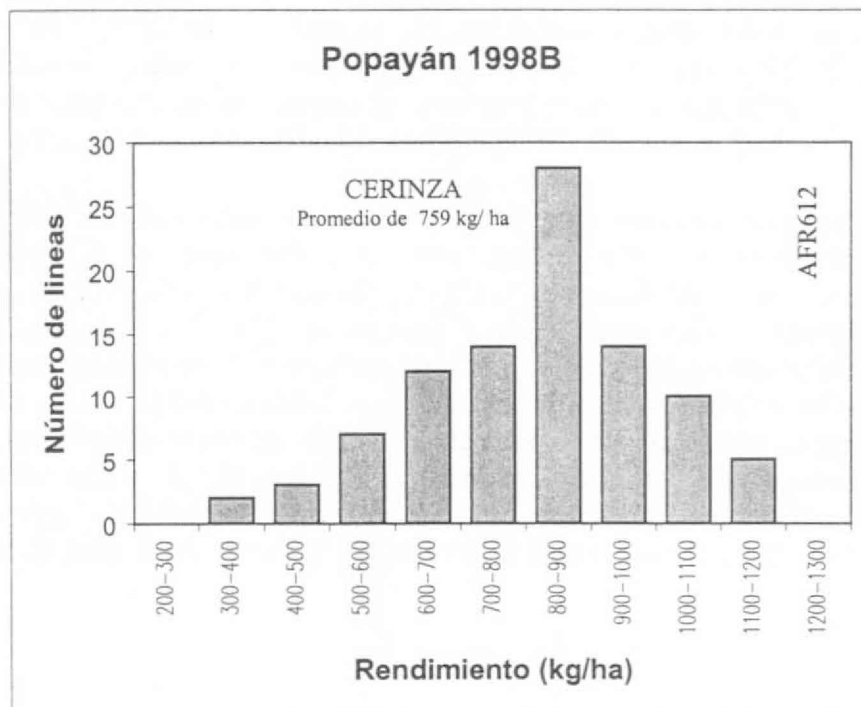
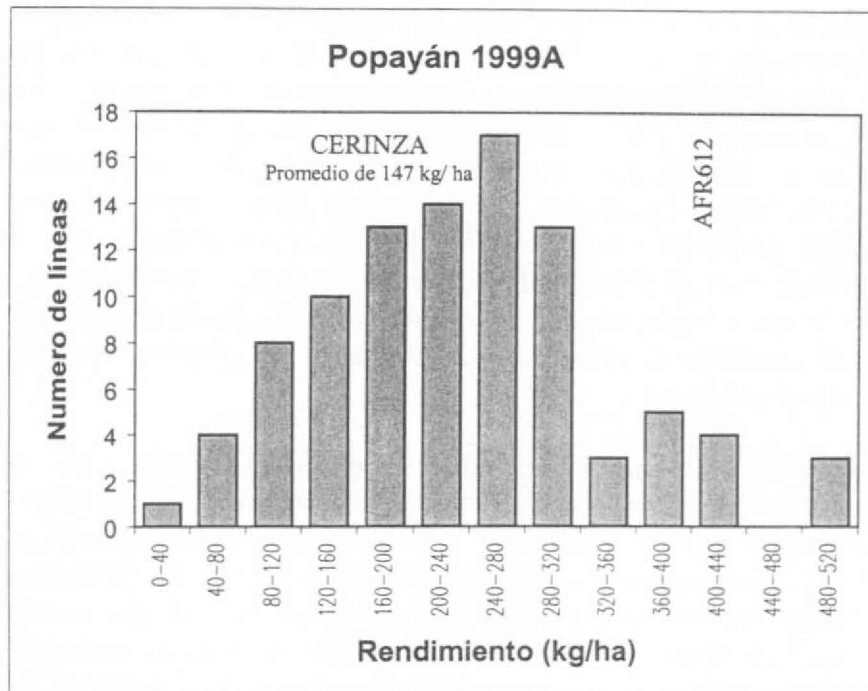


Figura 24. Distribución de poblaciones respecto al rendimiento (kg/ha) entre 95 líneas puras recombinantes RC;F, del cruzamiento Cerinza x G 24404 en dos épocas de cultivo en Popayán (Cauca, Colombia). Se indican la diferencia mínima significativa (DMS_{05}) y los rendimientos de las variedades testigo Cerinza y AFR 612.

CIAT

PLAN OPERATIVO ANUAL 1999-2000

PROYECTO 3. AMPLIACION DE LA BASE GENETICA Y ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA

SUBPROYECTO 3.2. CARACTERIZACION DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA

RESPONSABLE: Francisco J. Morales

RESULTADO R.3. Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a los principales factores bióticos y se caracterizó la diversidad de los patógenos del frijol

ACTIVIDADES S.3.2	METAS	PRESUPUESTO
3.2.1 Evaluación de padres potenciales para Mosaico Severo (VMSF), "Amachamiento" (CCMV) y Mosaico Dorado del Frijol (VMDF)	Evaluar la colección core de frijol y líneas con el gen bc3 para BSMV y CCMV Inocular material genético con BGMV	3.000
3.2.2 Selección por resistencia a enfermedades virales (VMCF, VMSF y VMDF)	Evaluar un cupo máximo de 500 líneas para BGMV y 1000 para mosaico severo	2.000
3.2.3 Apoyo a NARs en diagnosis de virus	Caracterización de virus que afectan el frijol en Centro América, Mexico y el Caribe, con énfasis en virus transmitidos por mosca blanca.	3.000
PRESUPUESTO TOTAL S.3.2		8.000

Actividad 3.2.1 Evaluación de padres potenciales para Mosaico Severo (VMSF), “Amachamiento” (CCMV) y Mosaico Dorado del Fríjol (VMDF)

3.2.1.1 Identificación de fuentes de resistencia al Mosaico Severo del Frijol (VMSF)

El “mosaico severo del frijol” se ha convertido en una enfermedad endémica en varios países de América Central que son importantes productores de frijol, como es el caso de Guatemala, El Salvador y Honduras. Esta enfermedad es inducida por diferentes cepas del *virus del mosaico severo del caupí* y su gravedad es más notoria en cultivares mejorados de frijol que poseen resistencia de tipo monogénico y dominante al mosaico común del frijol. Esta interacción inesperada entre un gen de resistencia al VMCF y un virus que ataca una leguminosa diferente ha obligado a los mejoradores a adoptar una estrategia de fitomejoramiento completamente diferente para América Central. Actualmente se está seleccionando una colección básica (‘core’) de *Phaseolus vulgaris* respecto a su resistencia a estos virus con el fin de identificar fuentes de resistencia desprovistas del gen dominante que confiere susceptibilidad extrema (necrosis sistémica) a los genotipos de frijol atacados por el mosaico severo del frijol (VMSF). Hasta la fecha, se han seleccionado 1125 accesiones de frijol respecto a su reacción al mosaico severo del caupí. En el Cuadro 33, se presentan los resultados de estas evaluaciones. La mayoría (85%) de los genotipos de frijol evaluados no tienen el gen 1 dominante para VMCF y, por ende, reacciona desarrollando mosaico. Aproximadamente el 10% de las accesiones de la colección básica evaluadas posee resistencia de tipo monogénico y dominante y, por ende, reacciona desarrollando necrosis sistémica. Apenas el 1.1% reacciona manifestando necrosis apical (que es condicionada por otro gen dominante). Menos del 2% de las plantas evaluadas segregan por estos caracteres. De las accesiones de germoplasma de frijol que no reaccionaron con necrosis sistémica o necrosis apical, las siguientes accesiones presentaron la menor cantidad de síntomas: G 11229, G 13094, G 4644, G 4534, G 1265, G 19953, G 22923, G 3990, G 3545, G 3593, G 20890, G 3017, G 3569, G 22564, G 23315, G 6862, G 2137, G 3096, G 3343, G 2958, G 12405, G 20868, G 17100, G 7280, G 12541, G 16130, G 2337, G 19954, G 4275, G 22005, G 18970, G 12195, G 13693 y G 12403.

Cuadro 33. Reacción* de accesiones de frijol seleccionadas de la colección básica al mosaico severo del frijol.

Mosaico	Necrosis	Necrosis apical	M/N	M/NA	N/NA
85%	10.6%	1.1%	0.5%	0.6%	0.08%

* M = mosaico; N = necrosis; NA = necrosis apical.

Una estrategia alterna de mejoramiento de frijol para controlar simultáneamente el virus del mosaico severo y el VMCF consiste en emplear los genes recesivos que confieren resistencia al mosaico común del frijol pero que no reaccionan frente a las cepas del mosaico severo del caupí. Además, estos materiales no son portadores de genes de ligamiento indeseables entre el color rojo del grano y la susceptibilidad al VMCF. El gen recesivo más valioso y estable para la resistencia al VMCF es el gen *bc3*, que ya ha sido incorporado en varias líneas adaptadas a las condiciones del trópico.

Un grupo de 44 materiales que poseían el gen *bc3*, seleccionadas originalmente por su resistencia al VMCF, fue evaluado respecto a su reacción al mosaico severo del frijol en condiciones de campo en San Andrés, El Salvador. Los testigos fueron CENTA-Cuscatleco y Rojo de Seda. Lamentablemente, el virus del mosaico dorado del frijol (VMDF) atacó severamente todos los genotipos portadores del gen *bc3*, lo que indica que las variedades de frijol de estos países centroamericanos requieren de la incorporación de genes de resistencia a múltiples enfermedades. Básicamente, todas las entradas *bc3* presentaron un puntaje de incidencia del mosaico dorado de 8 a 9, pero todas éstas poseen genes andinos que, por lo general, confieren tolerancia del VMDF. Estos materiales tuvieron que ser evaluados por CENT A respecto a su rendimiento para determinar el nivel de tolerancia, pero estos resultados aún no han sido recibidos por el CLAT. A pesar de los síntomas sorprendentes de mosaico dorado en estos 44 materiales, ninguno de estos genotipos de frijol mostró síntomas de necrosis inducido por el mosaico severo del frijol.

3.2.1.2 Caracterización del agente causal de la enfermedad del “amuchamiento” (“esterilidad”) del frijol en Costa Rica, Panamá y Nicaragua

Como se reportó en el informe anual del año pasado, el agente causal del síndrome de “amuchamiento” o “esterilidad” del frijol en Costa Rica fue identificado como un *bromovirus del moteado clorótico del caupí*. Este virus ha reaparecido básicamente en América Central, unos 20 años después de haber sido caracterizado como el “virus del punteado amarillo del frijol” en Turrialba, Costa Rica. La razón de la “desaparición” temporal del virus probablemente estaba relacionada con la introducción de cultivares mejorados de frijol y la difusión del virus en zonas de producción de frijol de mayor altitud, donde los síntomas se enmascararon. Con los actuales sistemas de producción de frijol en Costa Rica, el principal síntoma asociado con la presencia del virus no fue el característico amarillamiento sino, más bien, la malformación foliar y la baja producción de vainas. Dada la reducción significativa del rendimiento inducida por esta enfermedad, se publicó un trabajo (Revista de MIP, CATIE) para alertar a los cultivadores y a los investigadores de frijol en América Central acerca de la naturaleza de la enfermedad y su control {principalmente mediante el control de crisomélidos vectores}. El resumen del manuscrito se adjunta a continuación.

Etiología de la enfermedad del “amuchamiento” del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en Costa Rica

Resumen

Un problema de producción del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.), denominado “amuchamiento” (“esterilidad”), está creciendo en las principales regiones productoras de frijol de Costa Rica. Este problema consiste en una reducción drástica de la capacidad de rendimiento (24%-50%) de los cultivares de frijol afectados. Otros síntomas asociados con esta enfermedad son la malformación foliar y un periodo vegetativo prolongado. Los análisis de laboratorio del tejido foliar de las plantas afectadas por el “amuchamiento” revelaron la presencia de un virus isométrico. Algunas muestras de genotipos nativos contenían también el virus del mosaico común del frijol. El virus isométrico fue caracterizado mediante microscopía electrónica, serología, electroforesis y análisis de los ácidos nucleicos como una cepa del bromovirus del moteado clorótico del caupí (MCC). Este virus ya se había reportado en Costa Rica en 1972, como el agente causal del punteado amarillo del frijol. Sin embargo, el virus no se había asociado con los síntomas característicos de la

enfermedad del “amachamiento” del frijol común. Estos síntomas se reprodujeron en las pruebas de patogenicidad realizadas en este estudio con el MCC y cultivares de frijol seleccionados de Costa Rica. El MCC se transmite mecánicamente y por crisomélidos, pero no por semilla. En Costa Rica ya se está implementando un programa de MIP para controlar la enfermedad del “amachamiento” del frijol común.

Además, se realizó un análisis estadístico con diferentes variedades mejoradas y genotipos nativos de frijol para determinar el nivel de pérdidas de rendimiento asociadas con la enfermedad del “amachamiento”. En la Figura 25 se muestran los resultados del análisis descriptivo (rendimiento medio en gramos) de la primera repetición realizada con 8 variedades diferentes de frijol con síntomas de infección viral y sin ellos. En esta primera prueba, se inocularon las plantas testigo en las primeras hojas trifolioladas para simular la transmisión biológica del virus en condiciones de campo. Como puede observarse, las pérdidas de rendimiento en condiciones experimentales variaron del **20%** para Porrillo Sintético hasta **100%** para Great Northern **123**, Red Mexican **35** y Pinto **114**. Es interesante observar que los tres últimos genotipos de frijol pertenecen a la Raza Durango de México, que se considera como una fuente de genes de resistencia contra muchos virus que afectan el frijol. DOR **364** y el genotipo nativo “Sacapobres” también se afectaron en forma significativa, presentando pérdidas de rendimiento de más del **90%** cuando estaban afectadas por el mosaico severo del frijol. Entre los genotipos de frijol evaluados, los menos afectados fueron Porrillo Sintético (**20%**) y Red Kloud (**53%**). Talamanca, un cultivar de grano negro que los agricultores costarricenses gradualmente dejaron de cultivar por su baja productividad y susceptibilidad al síndrome del “amachamiento”, presentó pérdidas de rendimiento de **75%** cuando se inoculó con el virus [F. Morales, C.M. Araya, J.C. Hernández, J. Arroyave, M. Cuervo, A.C. Velasco, M. Castaño],

Se realizó una segunda repetición con resultados similares (Figura 26), donde se pueden apreciar pérdidas significativas de rendimiento para algunos materiales como DOR 364, Red Mexican y Sacapobres. Por el momento se está planeando una tercera repetición para completar el análisis. Las pérdidas de rendimiento observadas aquí son compatibles con informes anteriores sobre el efecto negativo de este virus en la productividad de los cultivares de frijol en Cuba (donde el virus se manifiesta a bajas altitudes, causando una sintomatología diferente, parecida a la de “punteado amarillo”).

Se confirmó la presencia del problema del “amachamiento” en Nicaragua y hay sospechas de su existencia en Panamá. Con base en las pruebas serológicas, se sabe que la enfermedad del “amachamiento” ocurre en las regiones productoras de frijol del norte de Costa Rica. Una visita a esta región, a saber en la localidad de Los Chiles cerca de la frontera con Nicaragua, permitió la observación de los síntomas característicos del “amachamiento”.

La selección de germoplasma escogido de frijol seguirá identificando las posibles fuentes de resistencia al virus causal.

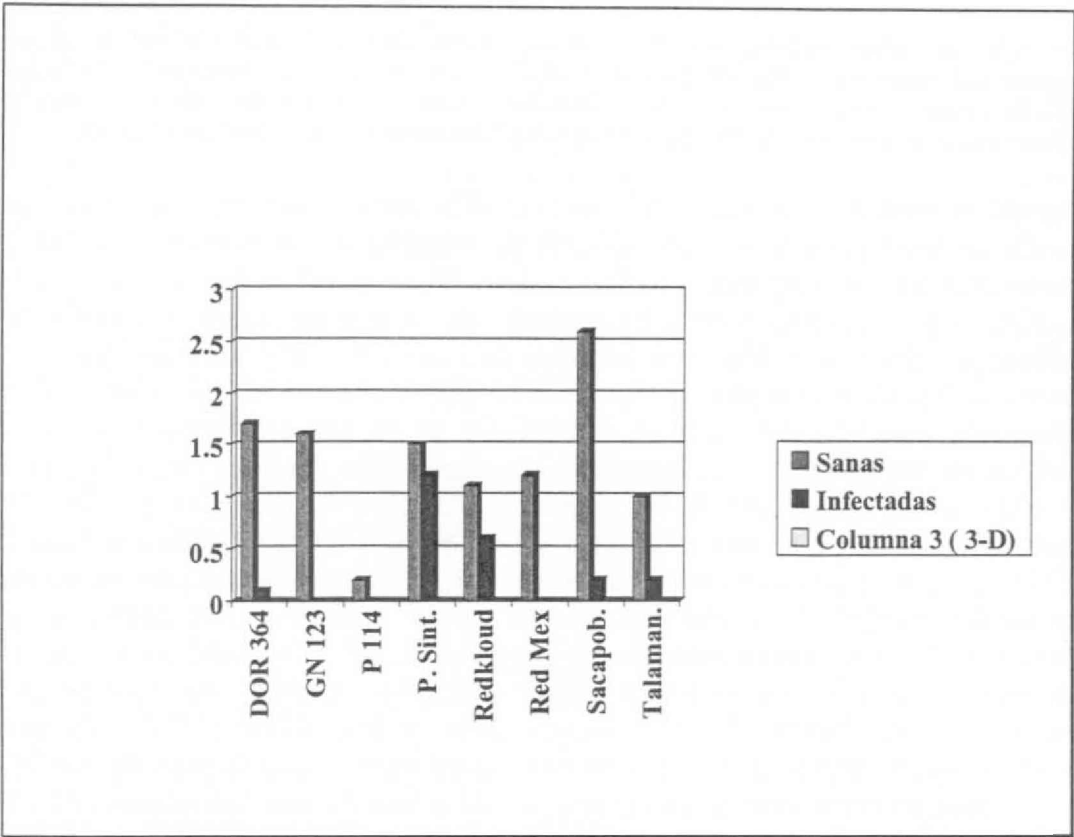


Figura 25. Rendimiento promedio (g) de ocho variedades de frijol con síntomas del virus del moteado clorótico del caupí (“amachamiento”) y sin ellos.

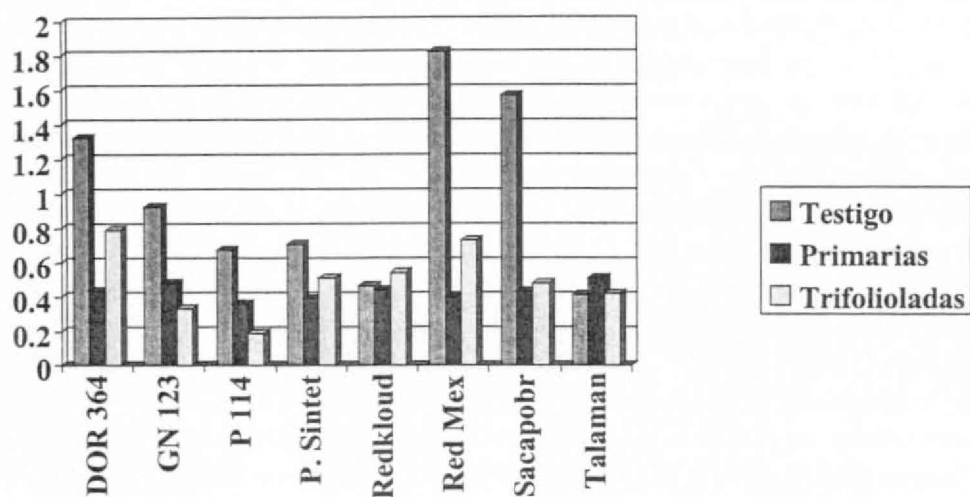


Figura 26. Rendimiento promedio (g) de ocho variedades de frijol con síntomas del virus del moteado clorótico del caupí (“amachamiento”) y sin ellos.

Actividad 3.2.2 Selección por resistencia a enfermedades virales (VMCF, VMSF y VMDF)

3.2.2.1 Mosaico Común (VMCF)

La resistencia al virus del mosaico común del frijol (VMCF) es un carácter necesario para la mayoría de las líneas mejoradas de frijol desarrolladas por el CIAT en colaboración con las organizaciones nacionales de investigación agrícola (ONIA). La evaluación en el CIAT de más de 20,000 accesiones del banco de germoplasma de frijol respecto a su reacción al VMCF ha proporcionado a los mejoradores de frijol la información necesaria para seleccionar al menos un material parental con resistencia al VMCF para sus trabajos de fitomejoramiento. Como resultado de lo anterior, se ha reducido gradualmente la necesidad de seleccionar por resistencia al VMCF en los casos en que el material parental seleccionado es resistente al virus. Sin embargo, la mayoría de los genotipos nativos de frijol en América Latina y África son susceptibles al VMCF y, por tanto, siempre se necesita algún nivel de selección por resistencia al VMCF para recuperar todos los caracteres agronómicos y de calidad deseables que se encuentran en estos genotipos nativos. Este año se inocularon y se evaluaron aproximadamente 10,118 plantas individuales de frijol respecto a su resistencia al VMCF en condiciones experimentales controladas en el CIAT. Del número total de plantas, se evaluaron 1140 plantas de frijol a solicitud del proyecto nacional de frijol de Costa Rica liderado por el Dr. Rodolfo Araya. Se seleccionaron, además, 3508 plantas individuales para la Universidad de Idaho, Estados Unidos, a solicitud del Dr. S. P. Singh, antiguo mejorador del Programa de Frijol del CIAT. El resto del material pertenecía a diferentes proyectos de fitomejoramiento, por ejemplo las actividades de los proyectos de sequía, hibridación interespecífica y piramidación de genes.

3.2.2.2 Liberación de cultivares de frijol resistentes a geminivirus, derivados de las fuentes andinas de resistencia al VMDF

Una visita al nordeste de México, una importante región productora de frijol de este país, nos permitió observar el desempeño sobresaliente del nuevo cultivar de frijol "Azufrado Higuera", liberado hace tres años por INIFAP-CEVAF para las zonas bajo riego del Estado de Sinaloa. En esta región, el *geminivirus del mosaico calico del frijol* es una limitación seria y endémica para la producción de frijol. El cultivar "Azufrado Higuera" se obtuvo del cruzamiento de Canario Divex 8130, un cultivar de frijol de grano amarillo seleccionado en Perú por el Dr. Oswaldo Voysest, antiguo agrónomo del Programa de Frijol del CIAT, y Royal Red, un genotipo de frijol seleccionado en el CL-VT a comienzos de los años ochenta por su resistencia al VMDF. Canario Divex es el resultado de un cruzamiento entre un genotipo Canario y Red Kidney, realizado en 1955 por Bocanegra y Voysest en Perú. La combinación de genotipos de frijol rojo arriñonado ha dado lugar a la selección de líneas nuevas con altos niveles de resistencia a los geminivirus transmitidos por la mosca blanca (por ejemplo, DOR 303) y estos genes de resistencia se han transferido a "Azufrado Higuera". Este es un ejemplo de los beneficios duraderos de un programa de mejoramiento de frijol, iniciado en los años cincuenta, y un proyecto latinoamericano de selección por resistencia a virus transmitidos por la mosca blanca, iniciado en los años ochenta.

Actividad 3.2.3 Apoyo a NARS en diagnóstico de virus

3.2.3.1 Caracterización de la variabilidad patogénica y fisiológica en los virus y en los vectores de la mosca blanca que afectan el frijol en América Latina

El proyecto de mosca blanca a nivel de todo el Sistema del GCIAI es financiado por DANIDA. Uno de sus subproyectos, Virus Transmitidos por la Mosca Blanca en Leguminosas y Sistemas de Cultivos Mixtos en América Central, México y el Caribe, ha proporcionado información valiosa acerca de la situación de los geminivirus que afectan el frijol en esta región.

En primer lugar, se ha hecho un seguimiento de la evolución del *virus del mosaico dorado del frijol* (VMDF) desde 1987, utilizando anticuerpos monoclonales desarrollados específicamente para detectar los diversos aislamientos del VMDF presentes en América Central, el Caribe y el sur de México. La llegada del nuevo biotipo (B) de la mosca blanca, *Bemisia tabaci*, vector del virus, indujo aparentemente cambios en la proteína de la cubierta de los aislamientos del VMDF presentes en la región, por cuanto no detectamos aislamientos actuales del VMDF en Cuba, Guatemala, El Salvador, Honduras y Costa Rica. Es interesante anotar que los aislamientos del VMDF de dos sitios diferentes de República Dominicana —los valles de San Juan de la Maguana y Constanza— aún son detectados por el anticuerpo monoclonal específico.

Para investigar si los aislamientos del VMDF de América Central y el Caribe habían cambiado drásticamente, se caracterizaron parcialmente los aislamientos recientes a nivel molecular (Cuadro 34).

Cuadro 34. Homologías de la secuencia de nucleótidos para la región AVI (proteína de la cubierta) de aislamientos seleccionados del virus del mosaico dorado del frijol de América Central y el Caribe.

Aislamiento*	GA	ES	HD	RD	PR	BR	VMEF	GA-O
GA	100%	93.8%	94.2%	92.3%	90.0%	76.0%	NT	92.7%
ES	NT	100%	NT	94.3%	91.5%	78.2%	NT	93.8%
HD	NT	NT	100%	93.8%	91.8%	78.0%	NT	94.2%
CB	NT	NT	100%	91.6%	91.3%	81.6%	78.1%	91.3%

Aislamientos: GA = Guatemala; ES = El Salvador; HD = Honduras; CB = Colombia; RD = Rep. Dominicana; PR = Puerto Rico; BR = Brasil; VMEF = Virus del mosaico del enanismo del frijol; GA-O = aislamiento guatemalteco original

Los resultados obtenidos a partir de estas investigaciones muestran que la proteína de la cubierta de los diferentes aislamientos de VMDF analizados ha cambiado levemente, probablemente en respuesta a la presencia de un biotipo diferente de vector. No obstante, todos estos aislamientos aún se consideran la misma especie que se propone ahora denominar: *virus del mosaico amarillo dorado del frijol* para diferenciarlo del aislamiento original de VMDF del Brasil. La teoría del cambio del virus en respuesta al cambio del vector puede tener algún fundamento en países como México, Cuba y Guatemala. Sin embargo, hay otros países, como República Dominicana, donde el virus no ha cambiado a pesar de la introducción del biotipo B.

3.2.3.2 Estudios sobre la enfermedad de! “amachamiento” (“esterilidad”) del frijol en Costa Rica

La principal actividad de MIP iniciada este año se encaminó hacia la solución de la enfermedad del “amachamiento” del frijol en Costa Rica. Este proyecto, dirigido por la Dra. Helga Blanco Metzler y realizado en la región de Brunca de Costa Rica, busca reducir las poblaciones de los crisomélidos vectores del *bromovirus del moteado clorótico del caupí*, el agente causal de la enfermedad del “amachamiento”. El proyecto hará un seguimiento de la dinámica de población de los crisomélidos vectores en las regiones productoras de frijol del sur de Costa Rica, empleando diferentes estrategias de MIP, por ejemplo: el uso de insecticidas botánicos (extractos vegetales) y el uso de barreras vivas, principalmente de especias y plantas medicinales que podrían complementar el ingreso de los pequeños agricultores de la región.

En relación con otras prácticas de MIP recomendadas para controlar los virus transmitidos por la mosca blanca, el proyecto sobre moscas blancas a nivel del Sistema del GCIAI aún no ha identificado un donante que apoye estas actividades. Afortunadamente, la difusión de cultivares resistentes a los geminivirus todavía es la medida de control más viable y sostenible dentro del MIP, que está al alcance de los pequeños cultivadores de frijol.

CIAT

PLAN OPERATIVO ANUAL 1998-1999

PROYECTO 3. AMPLIACION DE LA BASE GENETICA Y ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD PATOGENICA

SUBPROYECTO 3.3. APOYO A LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO

RESPONSABLE: George Mahuku

RESULTADO R.3. Se identificaron nuevas fuentes de resistencia a los principales factores bióticos y se caracterizó la diversidad de los patógenos del frijol

ACTIVIDADES S33	METAS	PRESUPUESTO
3.3.1 Análisis de diversidad de cepas mesoamericanas de mancha angular con diferenciadores	Analizar nuevas cepas enviadas de Centroamérica	2000
3.3.2 Análisis de diversidad de cepas mesoamericanas de mancha angular y de antracnosis usando marcadores moleculares (RAPD y RAMS)	Caracterizar diversidad de genes de cepas colectadas de Centroamérica	2000
3.3.3 Búsqueda de nuevas fuentes de resistencia a cepas mesoamericanas de mancha angular	Evaluar <i>Phaseolus</i> tipo silvestres (wild y weedy), para nuevas fuentes de resistencia usando cepas de Centroamérica	1000
3.3.4 Evaluar fuentes identificadas con resistencia a mancha angular con otras cepas de Centroamérica	Confirmar por lo menos 10 fuentes confirmadas con cepas virulentas de amplio espectro	1000
3.3.5 Análisis de genes andinos de resistencia a mancha angular con cepas mesoamericanas	Determinar la reacción de por lo menos 2 genes en G 19833 con cepas virulentas	1000
3.3.6 Análisis de genes andinos de resistencia a antracnosis con Cepas mesoamericanas	Determinar la reacción de dos genes de G 19833 o por lo menos 10 cepas virulentas	1000
PRESUPUESTO TOTAL S.3.2		8,000

Actividad 3.3.1 Análisis de diversidad de cepas mesoamericanas de mancha angular con diferenciadores

3.3.1.1 Caracterización de la virulencia de aislamientos de *Phaeoisariopsis griseola*

Durante 1999, se caracterizaron 42 aislamientos de *P. griseola* de América Central, utilizando un conjunto de 12 variedades diferenciales internacionales (Cuadro 35). Se describieron, en total, 26 razas, de las cuales 20 fueron únicas a un país. Estos resultados muestran el nivel de diversidad genética presentada por *P. griseola*.

Cuadro 35. Diversidad, por país, de los aislamientos de *P. griseola* caracterizados durante 1999.

País	Número de aislamientos	Número de razas por país
Costa Rica	24	21
Panamá	3	2
Guatemala	1	1
El Salvador	14	10
Total	42	

Actividad 3.3.2 Análisis de diversidad de cepas mesoamericanas de mancha angular y de antracnosis usando marcadores moleculares (RAPD y RAMS)

Logros:

- Desarrollo e implementación de un método sencillo y rápido de extracción de ADN que no utiliza solventes orgánicos.
- Desarrollo, ensayo e implementación de cebadores de microsatélites para estudiar la diversidad del genoma y caracterizar las estructuras de las poblaciones de *Phaeoisariopsis griseola* y *Colletotrichum lindemuthianum*.
- Caracterización de 125 aislamientos de América Central mediante marcadores de RAPD (polimorfismo de ADN amplificado aleatoriamente) y de microsatélites

3.3.2.1 Caracterización molecular de los patógenos de la mancha angular y de la antracnosis

Justificación: El conocimiento y la distribución de la variación de los patógenos son fundamentales para optimizar el uso de las fuentes existentes de resistencia a la antracnosis y a la mancha angular (MA) y para generar, donde sea necesario, nuevas formas apropiadas de resistencia. En consecuencia, el seguimiento, la recolección y la caracterización de los patógenos de la antracnosis y de la MA constituyen un proceso permanente en un esfuerzo por comprender la distribución y la diversidad de estos patógenos.

Las estrategias de protección de cultivos que proporcionan estabilidad tienen dos componentes básicos: (1) el mejoramiento respecto a formas estables de resistencia, y (2) el despliegue de variedades en formas que prolonguen su vida útil. El conocimiento de la estructura de población de los patógenos puede contribuir tanto a los esfuerzos de mejoramiento por resistencia como al desarrollo de estrategias para el despliegue de esa resistencia. El análisis de la estructura de población de los patógenos y las maneras en que dichas poblaciones reaccionan frente a limitaciones experimentales, agrícolas y naturales nos permite comprender los mecanismos mediante los cuales las poblaciones de patógenos se modifican. Este conocimiento puede proporcionar la base para la formulación de sistemas de apoyo de enfermedades que conduzcan al manejo eficaz de las mismas.

Debido a la extensa distribución de estas enfermedades, el manejo satisfactorio requiere de un enfoque global. Por consiguiente, es apremiante desarrollar un sistema que facilite el intercambio de información entre los diferentes laboratorios que estudian estos patógenos. El poder responder a las preguntas sobre la estructura de la población mundial de *C. lindemuthianum* y *P. griseola* dependerá, al menos en parte, de la disponibilidad de información sobre marcadores de diferentes partes del mundo. Un paso importante para ayudar a poner esta información al alcance de todos sería estandarizar los datos genéticos tanto en función de los marcadores empleados como de la manera en que están almacenados los datos, y compilar los datos de los marcadores en una base de datos que fácilmente esté al alcance de todos los investigadores. Esta información sería de utilidad para los investigadores que deseen examinar los patrones globales de población o comparar los genotipos locales con una colección internacional numerosa. El conocimiento de la estructura de población de los patógenos a nivel mundial también desempeñará una función clave en la selección y el despliegue de genes de resistencia en la planta hospedante que sean duraderos. Actualmente, muchos laboratorios están empleando diferentes marcadores y estructuras de almacenamiento de datos para *P. griseola*, lo que hace prácticamente imposible la comparación y el intercambio de información. Un sistema estandarizado para los estudios de diversidad genética facilitará el intercambio y la comparación de información, lo que conduce a un seguimiento más eficaz del patógeno y a una expresión y manejo eficientes de la resistencia de la planta hospedante.

33.2.2 Desarrollo de un método rápido y fácil de extracción de ADN

Justificación: Uno de los principales problemas que ha hecho más difícil los avances en la caracterización de los patógenos ha sido las reglamentaciones de cuarentena asociadas con el movimiento de organismos vivos a través de las fronteras. No obstante, la información sobre la estructura de población de los patógenos es decisiva para manejar eficazmente los patógenos del frijol utilizando genes resistentes. Sin embargo, para poder alcanzar nuestra meta (de caracterizar a los patógenos) mientras se evita el movimiento de organismos vivos a través de las fronteras, se desarrolló un método de extracción de ADN que puede emplearse en los laboratorios relativamente sencillos y que no requiere el uso de solventes orgánicos tóxicos y peligrosos como el fenol y el cloroformo. Una vez extraído el ADN, éste puede ser trasladado o despachado a los laboratorios encargados de realizar la caracterización molecular. Por consiguiente, el objetivo principal fue desarrollar un método rápido y sencillo de extracción de ADN, que se adapte fácilmente a las condiciones de laboratorio que se encuentran normalmente en los países en desarrollo y, de esta manera, facilitar la caracterización de los patógenos y los estudios de diversidad mientras se eluden los problemas y las reglamentaciones asociadas con el movimiento de organismos vivos.

Metodología: Se desarrolló un método rápido y confiable, que no utiliza solventes orgánicos peligrosos (fenol y cloroformo) pero que produce ADN de alta calidad que es apropiado para la mayoría de los análisis moleculares. Para demostrar la utilidad de este método, se realizó un taller en Africa donde se extrajo con éxito ADN de *Pg* y se amplificó este ADN empleando marcadores de microsátélites y de RAPD. El método utiliza proteína K; acetato de amonio para precipitar las proteínas y los hidratos de carbono; centrifugación para separar las fases; seguida de la precipitación mediante isopropanol. Se comparó este método con el método comúnmente utilizado que emplea solventes orgánicos (fenol y cloroformo). También se evaluó su utilidad respecto a otros patógenos con los cuales se trabaja generalmente, *C. lindemuthianum* y *Xanthomonas campestris*.

Resultados: No se obtuvo ninguna diferencia entre los métodos comúnmente usados que emplean solventes orgánicos y el método nuevo. En efecto, con este método el rendimiento fue a menudo alto porque, a diferencia del método fenohloroformo, no se pierde ningún fragmento de ADN durante los numerosos pasos de transferencia involucrados en los pasos en que se emplean fenol y cloroformo (Figura 27). El ADN que se extrae mediante este método se amplificó empleando los cebadores de microsátélites (ACA)_n y (GT)_n (Figura 28).

Conclusiones: Se desarrolló y empleó un método rápido y sencillo de extracción de ADN para extraer el ADN de *P. griseola*. Este método es sencillo y tiene una aplicación amplia, no sólo en fitopatología sino también en otras áreas como la selección con ayuda de marcadores (MAS). Además, se puede lograr la caracterización de los patógenos sin sobrellevar los problemas asociados con el movimiento de organismos vivos a través de las fronteras. El reto es divulgar este método a los colaboradores del CIAT y asegurarnos de que sea adoptado. También se debe ayudar a que el método se implemente, especialmente en Africa. La utilidad de este método se demostró al extraer en Africa el ADN de 40 aislamientos de *P. griseola* y realizar la caracterización molecular en la sede del CIAT.

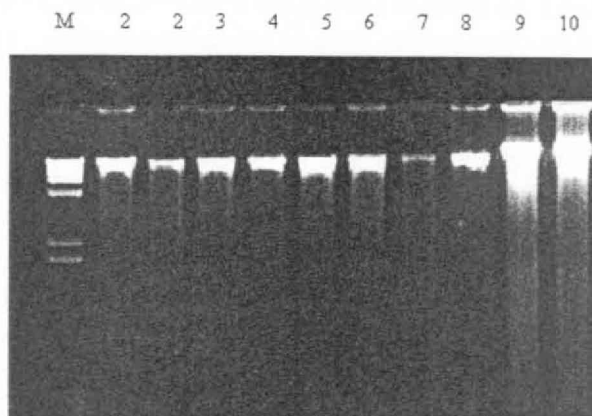


Figura 27. Se extrajo el ADN depositado en las bandas 1, 3, 5, 7 y 9 empleando el método rutinario fenolicloroformo mientras que se extrajo el ADN depositado en las bandas 2, 4, 6, 8 y 10 empleando el método nuevo, que no utiliza fenol ni cloroformo. Las bandas 1-4 representan a *P. griseola*, 5 a 8 a *C. lindemuthianum* y 9 y 10 a *A. campestris* pv. *campestris*. En cada banda, se depositaron 3 uL de suspensión de ADN. El marcador es ADN lambda digerido con HindIII.

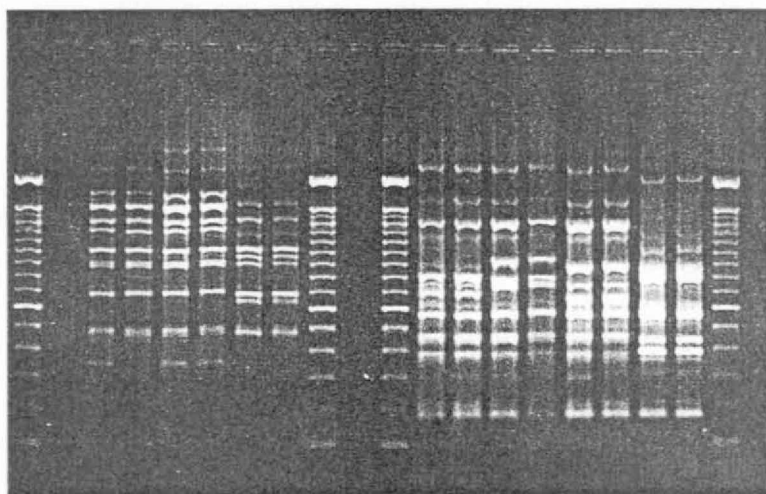


Figura 28. Perfiles generados por los cebadores de microsatélites (ACA)_n y {GT}_n mediante el ADN extraído por el método estándar fenol:cloroformo y el método nuevo que no utiliza solventes orgánicos. No se observaron diferencias en los perfiles. Cada dos bandas representan el ADN del mismo aislamiento de *P. griseola*.

3.3.2.3 Desarrollo de microsatélites (SSR) como el mejor método para caracterizar patógenos

Justificación: Para facilitar el intercambio y la comparación de información sobre la diversidad del genoma de los patógenos del frijol (C1 y Pg), es necesario un conjunto estandarizado de marcadores que sea reproducible para ser empleado en diferentes laboratorios. Los métodos empleados actualmente (RAPD, RFLP, etc.) son demasiado difíciles de manejar y costosos, o no son reproducibles. En consecuencia, es prácticamente imposible comparar los datos generados en diferentes laboratorios. Se evaluó los marcadores de RAMS (microsatélites amplificados aleatoriamente) para detectar su presencia de los genomas C1 y Pg y, luego, su conveniencia como marcadores para estudiar la diversidad genómica para estos patógenos.

Materiales y Métodos: Se sintetizaron y emplearon cuatro cebadores de microsatélites, (ACA)_n, (CCA)_n, (CGA)_n y (GT)_n para evaluar el ADN extraído de los aislamientos de *P. griseola* y *C. lindemuthianum*. Estos aislamientos habían sido seleccionados para representar los diferentes grupos, andino y mesoamericano, con base en sus fenotipos mediante los marcadores de virulencia. Luego se estandarizaron los cebadores para los estudios de diversidad genómica de *P. griseola* y *C. lindemuthianum* (Cuadro 36).

Cuadro 36. Espectro de virulencia de los aislamientos de *Colletotrichum lindemuthianum* empleados para probar los cebadores de microsatélites.

Aislamiento [^]	Raza	Variedades diferenciales ⁵										
		A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K L
CL2 (A)	7	a	b	c								
CL 17(M)	1545	a			d						j	k
CL 43(M)	385	a								h i		
CL 56 (A)	15	a	b	c	d							

⁵ Variedades diferenciales: A = Michelite, B = M.D.R.K., C = Perry Marrow, D = Cornell 49242, E = Widusa, F = Kaboon, G = México 222, H = P1 207262, I = TO, J = TU, K = AB 136 y L = G2333.

H (A) = Aislamiento andino característico; (M) = Aislamiento mesoamericano característico.

Resultados: Se amplificó un conjunto de aislamientos con 4 cebadores de RAMS y se encontró que los genomas de C1 y Pg poseían numerosos microsatélites. Luego se evaluaron la capacidad de reproducirse y la sensibilidad de estos marcadores mediante (1) el uso de diferentes concentraciones de ADN, que variaban de 1 fg a 300 ng, y (2) la amplificación del ADN de puridades variables, extraído mediante diferentes métodos incluyendo el descrito anteriormente. Los resultados indicaron que estos marcadores son muy estables. Se obtuvieron los mismos perfiles con el ADN seleccionado que variaba de 1 pg a 300 ng. Seleccionamos 5 ng de ADN como nuestro ADN estándar y amplificado a partir de tres extracciones diferentes realizadas en diferentes momentos y empleando diferentes métodos. Se obtuvieron exactamente los mismos perfiles durante cada paso de amplificación (Figuras 29 y 30).

Conclusiones: Los marcadores RAMS combinan la especificidad de los microsatélites y la sencillez de la técnica de PCR. Son muy baratos y fáciles de usar y, como son estables en una amplia gama de purezas y concentraciones del ADN, resultan marcadores muy buenos para los estudios de diversidad genómica y pueden ser usados confiablemente en diferentes laboratorios. Cuando se emplea ADN de purezas y concentraciones variables, se obtienen los mismos perfiles, algo que no es posible con RAPD o con los demás métodos que requieren un ADN muy puro. En consecuencia, diferencias sutiles como la pureza y las concentraciones del ADN ya no constituyen un factor en los estudios de diversidad y pueden obtenerse resultados equivalentes de diferentes laboratorios que emplean diferentes técnicas de extracción o concentraciones de ADN. Esto debe acelerar el proceso de caracterización de patógenos.

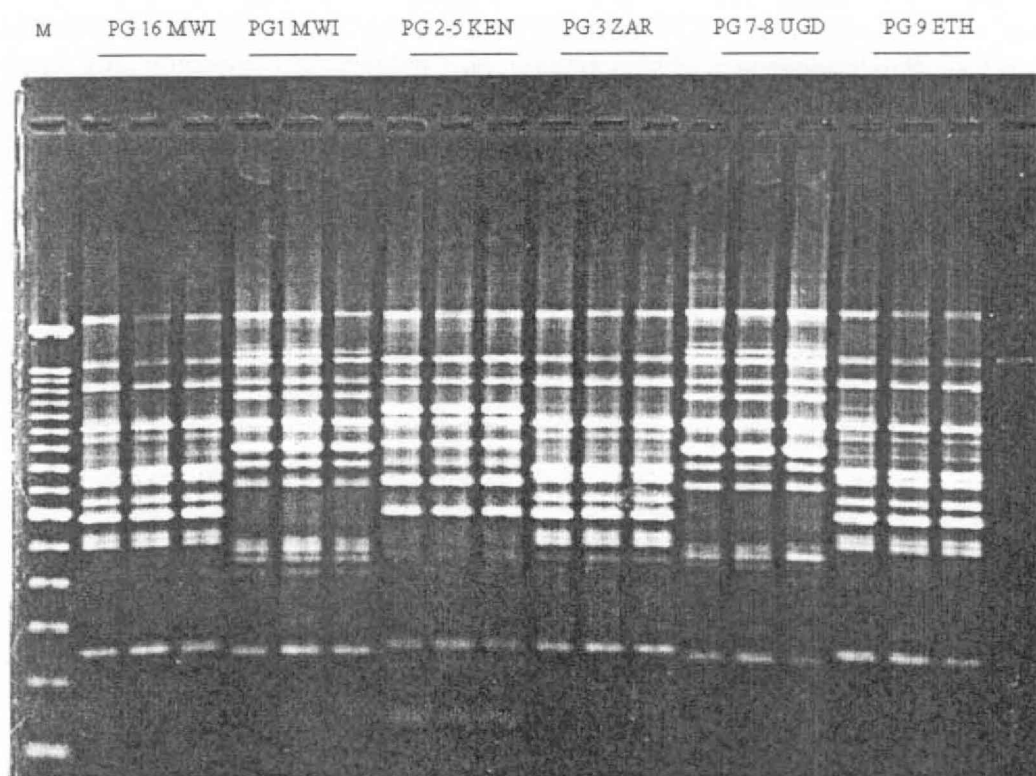


Figura 29. Demostración de la capacidad de reproducirse del cebador de microsatélites (ACA)_n para los aislamientos de *P. griseola* de Africa. El ADN se extrajo en tres momentos diferentes y las amplificaciones se realizaron en tres momentos diferentes. En todos los momentos de amplificación, no hubo ninguna diferencia en los perfiles obtenidos, lo que demuestra la capacidad de reproducirse de este marcador. Los aislamientos Pg 16 MWI, Pg 1 MWI y Pg 8-7 UGD son razas mesoamericanas; Pg 3 ZAR y Pg 9 ETH, andinas; y Pg2-5 KEN, afroandina. La M representa una escala de peso molecular de 100 pb.

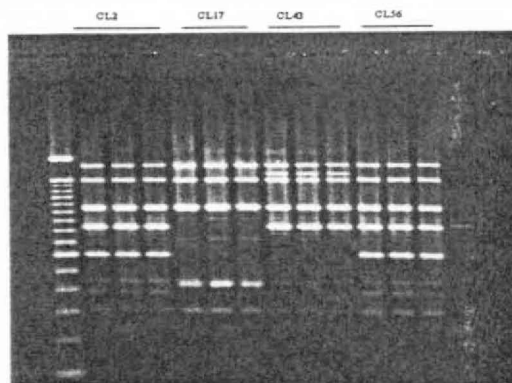


Figura 30. La capacidad de reproducirse del cebador de microsatélites (ACA)_n. Las amplificaciones se realizaron en diferentes momentos con ADN extraído en tres momentos diferentes.

3.3.2.4 Caracterización molecular de los aislamientos de *Phaeoisariopsis griseola* de América Central

Durante 1999, se caracterizaron 125 aislamientos de *P. griseola* de América Central (21 de Costa Rica, 35 de El Salvador, 2 de Guatemala, 26 de Honduras, 24 de México, 11 de Nicaragua y 6 de Puerto Rico) empleando 10 cebadores para RAPD (poliformismo del ADN amplificado aleatoriamente) y 4 cebadores para RAMS (microsatélites amplificados aleatoriamente). Los 10 cebadores para RAPD provenían todos de Operon Technologies e incluían OPA 01, OPA 02, OPA 11, OPA 18, OPB 15, OPC 05, OPE 03, OPF 01, OPH 05 y OPH 08. Los cebadores para RAMS empleados fueron (ACA)_n, (CGA)_n, (CCA)_n y (GT)_n. La similitud genética entre dos aislamientos se calculó con base en el coeficiente de Dice con el programa SimQual de NTSYS-PC versión 1.8. Se empleó la matriz de similitud para construir dendrogramas con la ayuda de agrupación de pares no ponderados mediante promedios matemáticos (UPGMA), empleando los programas SAHN y TREE en NTSYS. Se usó el análisis de correspondencias múltiples en el programa SAS para asignar los aislamientos a los grupos.

Resultados: Ambos marcadores revelaron altos niveles de diversidad genética entre los aislamientos centroamericanos. La mayoría de los aislamientos que quedaron en el mismo grupo, empleando los marcadores de RAPD, también quedaron en el mismo grupo empleando los marcadores de micro satélites. Los aislamientos recolectados del mismo país tendieron a agruparse juntos, con unos pocos valores aislados. La correspondencia múltiple de los datos de RAPD definió cuatro grupos con un coeficiente promedio de similitud del 85% o superior dentro del grupo (Figura 31). El análisis de correspondencias múltiples de los datos de RAMS arrojó 5 grupos, y la similitud promedio dentro de un grupo fue de 87% o superior. La Figura 32 es un dendrograma producido a partir de los datos combinados de los cebadores de microsatélites. La mayoría de los aislamientos que pertenecían al mismo grupo empleando los marcadores de RAPD también quedaron en el mismo grupo al emplear los marcadores de RAMS. Para ambos marcadores, no fueron evidentes relaciones con los grupos definidas por los datos de virulencia.

Conclusiones: Los aislamientos de Pg de América Central son muy diversos y heterogéneos; sin embargo, los aislamientos del mismo país tienden a agruparse juntos. Se justifican el seguimiento y la caracterización continuos de los aislamientos de esta región, especialmente en aquellos países donde se han caracterizado muy pocos aislamientos o ninguno, por ejemplo Panamá, Guatemala, etc. De esta manera, se determinarán adecuadamente el mapa de razas y la distribución de Pg en esta región y se identificarán y desplegarán debidamente los genes de resistencia.

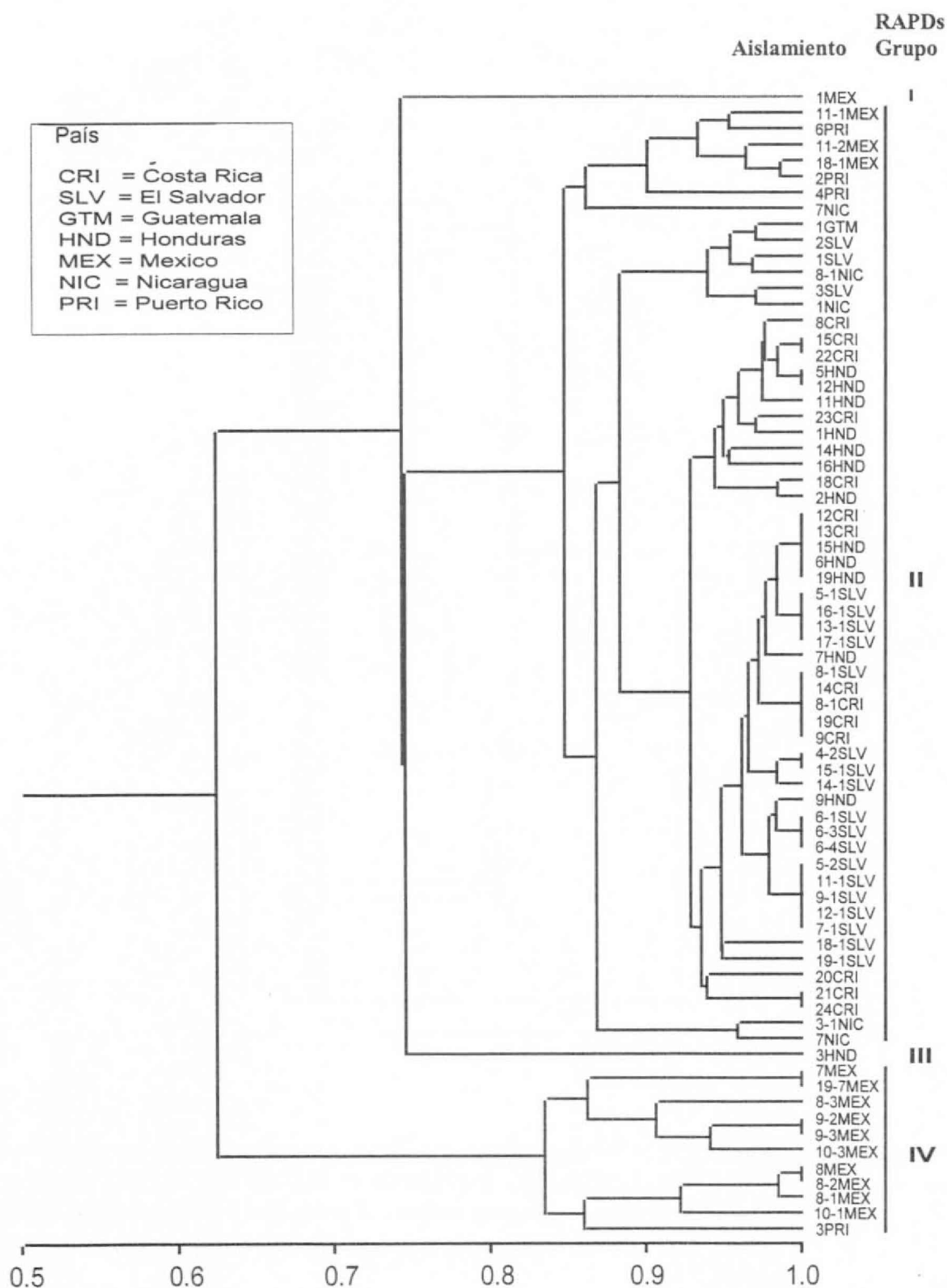


Figura 31. Dendrograma de aislamientos de *Phaeoisariopsis griseola* con base en los métodos UPGMA, utilizando los programas SAHN y TREE en el programa de NTSYS que emplea el coeficiente de similitud calculado a partir de los datos de RAPD. El coeficiente de Dice, dentro del programa SimQual de NTSYS-PC versión 1,8 (Exeter Software, Setauket, NY, Estados Unidos) fue utilizado para calcular las similitudes genéticas entre aislamientos. Los grupos de RAPD fueron asignados siguiendo el análisis de correspondencias múltiples del programa SAS. En este dendrograma figura un subconjunto de los aislamientos que representan a los grupos principales.

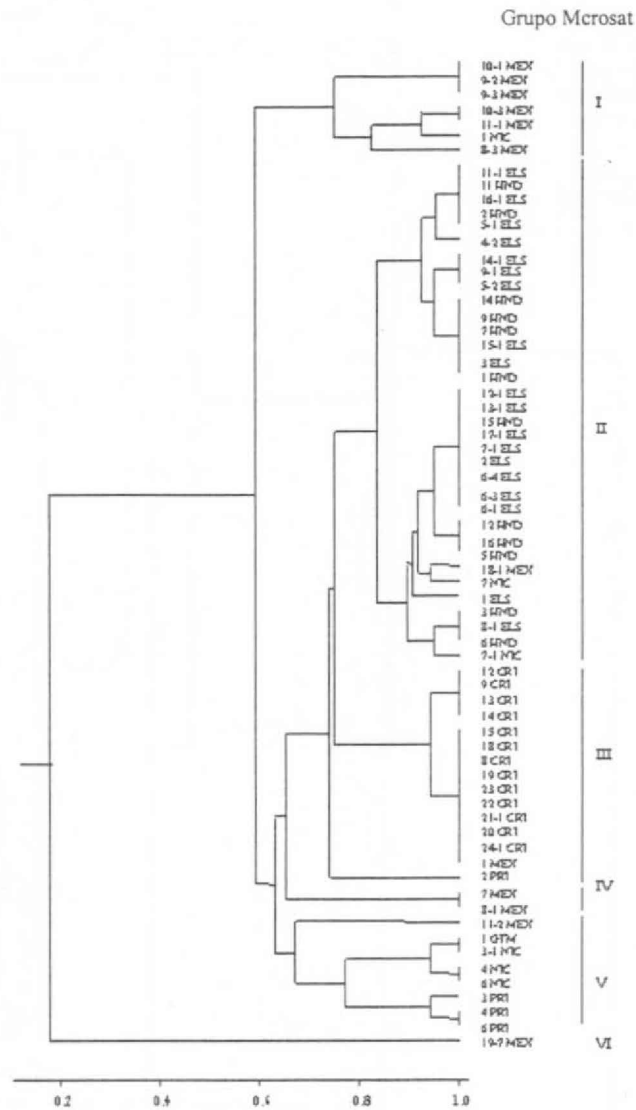


Figura 32. Dendrograma de los aislamientos de *Phaeoisariopsis griseola* recolectados en América Central, con base en los métodos de UPGMA que emplea los datos de cebadores combinados de microsatélites. Los grupos de microsatélite fueron asignados siguiendo el análisis de correspondencias múltiples que utiliza el programa SAS.

Actividad 3.3.3 Búsqueda de nuevas fuentes de resistencia a cepas mesoamericanas de mancha angular

Justificación: Los estudios de diversidad genética de *Phaeoisariopsis griseola*, el patógeno de mancha angular (MA), han demostrado que este patógeno es muy variable y posee muchas razas, lo cual significa que la resistencia o susceptibilidad de un genotipo de frijol a *P. griseola* puede cambiar de un sitio a otro y de un año a otro. Dado que la estructura de la población de los patógenos está cambiando continuamente (no es estable), la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia es, por consiguiente, también un proceso continuo.

Materiales y Métodos: Durante el primer semestre de 1999, se evaluaron 371 accesiones de frijol (rojo pequeño) y 75 genotipos de frijol identificado anteriormente como fuente de resistencia a la MA, utilizando las razas locales andinas y mesoamericanas más virulentas de *P. griseola* que se tienen en la colección del CIAT. Las accesiones se inocularon en el campo en Santander de Quilichao, utilizando las razas 31-63, 31-55 (mesoamericanas) y 63-0 (andina) respectivamente, aisladas localmente. Además, se evaluaron, en condiciones de campo en Darién, 385 accesiones de *P. vulgaris* silvestres (wild y weedy), 100 líneas que comprendían *P. polyanthus* y *P. coccineus*, y el vivero de 75 fuentes de resistencia a la MA. Estos genotipos se inocularon con mezcla de aislamientos locales mesoamericanos y andinos, correspondientes a las razas 63-0 y 5-47, respectivamente.

Resultados: De las 371 accesiones de frijol rojo pequeño, el 31% presentó una interacción resistente mientras que el resto presentó una interacción susceptible (Figura 33e). Estos materiales van a sembrarse nuevamente en Darién, y se evaluarán con diferentes razas. También se realizarán evaluaciones en el invernadero con aislamientos de otros países. Solo 16 (4%) de los materiales de frijol silvestre (wild y weedy) mostraron un fenotipo de resistencia a inoculaciones con una mezcla de aislamientos andinos y mesoamericanos de *P. griseola* (Figura 33d). Sin embargo, existen niveles altos de resistencia dentro de *P. coccineus* y *P. polyanthus* (62%). En ambos sitios, más del 90% de las fuentes de resistencia a la MA presentaban un fenotipo resistente (Figurass. 33a,b,c). No obstante, en Darién las condiciones fueron muy propicias para la aparición de enfermedades y la mayoría de las líneas presentaron una reacción que varió de resistente a intermedia.

Conclusiones: Las fuentes de resistencia que se han identificado hasta el momento son muy promisorias, ya que se sostienen en condiciones de campo y respecto a diferentes razas de la MA. Existe resistencia vertical a la MA en los acervos de genes secundarios, *P. polyanthus* y *P. coccineus*. Los materiales de las cruza interespecíficas de *P. vulgaris* x *P. polyanthus* y de *P. vulgaris* x *P. coccineus* deben seleccionarse por resistencia a la MA. Sin embargo, existe muy poca o ninguna resistencia en los materiales silvestres (wild y weedy) de *P. vulgaris*.

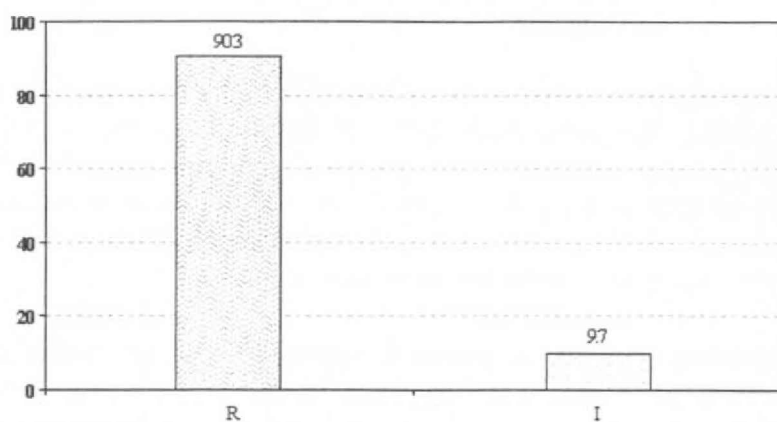


Figura 33a. Respuesta de fuentes de resistencia respecto a la inoculación con razas andinas y meso americanas de *Phaeoisariopsis griseola* en Santander de Quilichao.

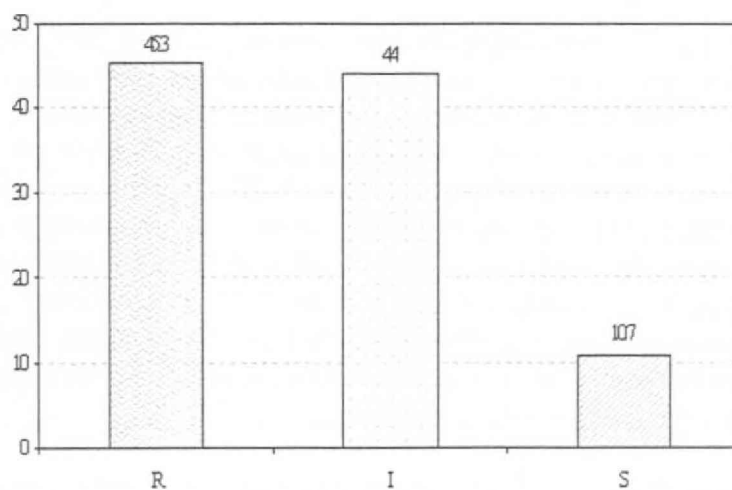


Figura 33b. Respuesta de fuentes de resistencia a la mancha angular respecto a la inoculación con razas andinas y mesoamericanas de *Phaeoisariopsis griseola* en Darién.

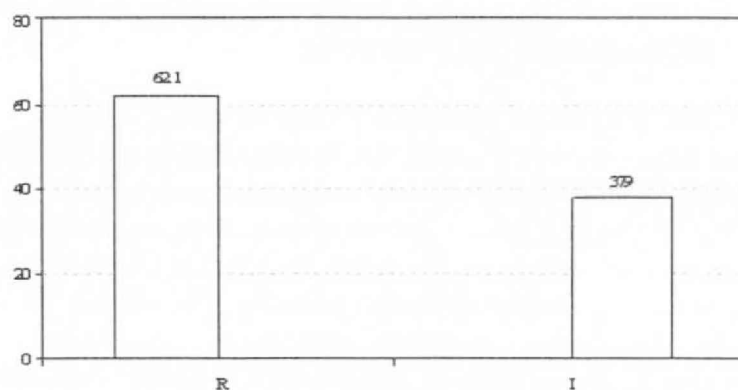


Figura 33c. Respuesta de *Phaseolus coccineus* y *Phaseolus polyanthus* respecto a las inoculaciones con razas andinas y mesoamericanas de *Phaeoisariopsis griseola*.

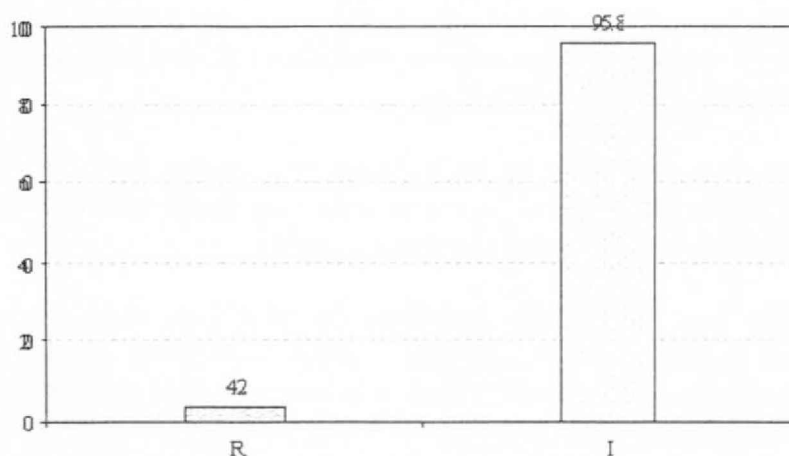


Figura 33d. Respuesta de materiales silvestres (wild y weedy) de *Phaseolus vulgaris* respecto a la inoculación con razas andinas y mesoamericanas de *Phaeoisariopsis griseola*.

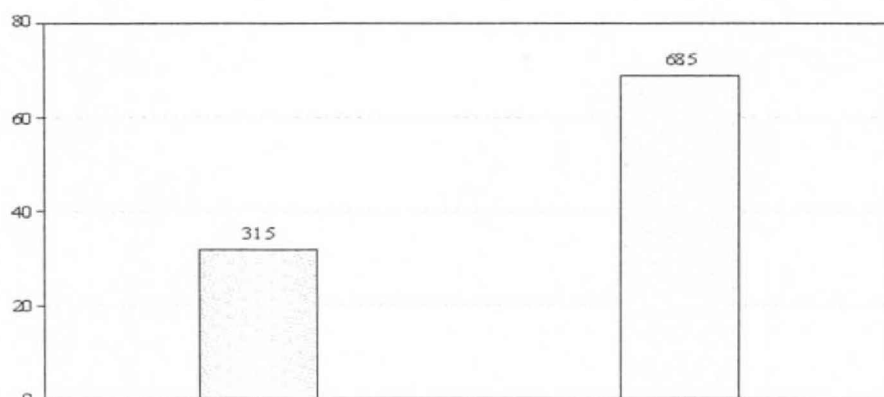


Figura 33e. Respuesta de accesiones de frijol rojo pequeño respecto a la inoculación con razas mesoamericanas de *Phaeoisariopsis griseola*.

Actividad 3.3.4 Evaluar fuentes identificadas con resistencia a mancha angular con otras cepas de Centroamérica

Justificación: El año pasado, se identificó y caracterizó un aislamiento de América Central que superó la resistencia en todas nuestras líneas diferenciales. Durante 1999, se evaluaron las fuentes de resistencia que se habían identificado previamente respecto a su reacción a este aislamiento (Pg 8 HND, raza 63-63). Anteriormente, se había evaluado la colección core en condiciones de campo y se habían identificado genotipos resistentes o tolerantes de los aislamientos locales de *P. griseola*. Además, también se evaluaron 84 líneas del programa de mejoramiento y se identificaron genotipos resistentes. La finalidad de este estudio era encontrar si la resistencia identificada en condiciones de campo tiene aplicación y se mantiene con el aislamiento más virulento, Pg 8 HND (raza 63-63) que ha sido caracterizado en América Central.

Materiales y Métodos: Se evaluaron, en condiciones de invernadero, 75 genotipos de frijol de líneas avanzadas y accesiones respecto a su reacción al aislamiento Pg 8 HND de *P. griseola*, raza 63-63, utilizando protocolos estándar.

Resultados: De estos materiales de frijol, 42 presentaron una reacción resistente o intermedia respecto a Pg 8 HND (Cuadro 37). La mayoría de estas líneas eran variedades criollas o líneas mejoradas desarrolladas en la región (América Central).

Conclusión: Se han identificado genotipos de frijol con altos niveles de resistencia al aislamiento más agresivo de *P. griseola*. Estos materiales pueden desarrollarse como progenitores potenciales para ser utilizados en el mejoramiento por resistencia. Además, debe crearse un vivero de fuentes de resistencia a la MA y distribuirlo a los socios colaboradores en América Central, para determinar la reacción de estos materiales en condiciones de campo.

Cuadro 37. Genotipos de frijol resistentes o tolerantes al aislamiento más virulento de *P. griseola* (Pg 8 HND), que corresponde a la raza 63-63.

Genotipo	Hábito de crecimiento	Color de la semilla	Pg 8 HND
A 785	2	8	3
AFR 645	2	2	3
AFR 702	2	6	3
AFR 703	2	6	2
AND 279	1	6	4
AND 1056	2	6	3
APN47	2	8	3
CAL 123	1	6	3
CAL 143	1	6	3
CAL 173	1	6	4
EMP 364	2	6	4
EMP 365	1	6	4
G 855	4	3	2
G 916	1	3	3
G 2923	2	8	3
G 4691	3	2	2
G 4724	4	2	4
G 5207	2	8	1
G 5377	3	5	4
G 6727	1	3	2
G 8152	1	3	1
G 9282	3	5	4
G10474	4	6	1
G 10613	4	1	1
G 10736	4	8	4
G 10865	4	8	1
G10909	4	7	3
G 11104	4	8	3
G11515	1	2	3
G12517	3	2	4
G14301	4	2	2
G 14508	4	5	4
G 18970	4	3	3
G 19833	3	3	3
G 20525	1	4	4
G 22257	3	6	3
G22301	3	3	2
G22447	3	3	2
GORDO	1		4
ICA TUNDAMA	3	5	3
ICTA TEXEL	2	8	1
ZAA91	2	7	3

Actividad 3.3.5 Análisis de genes andinos de resistencia a mancha angular con cepas mesoamericanas

Justificación: El año pasado, las líneas puras recombinantes (LPR) derivadas de las cruces de DOR 364 x G 19833 fueron inoculadas con tres aislamientos de *P.griseola* para determinar la herencia de la resistencia y la localización de genes de resistencia así como también para ver la naturaleza de la resistencia expresada por el progenitor andino G 19833 y averiguar el número de genes involucrados en la reacción de resistencia, así como posicionar estos genes en el mapa derivado de las LPR de DOR 364 x G 19833.

Materiales y Métodos: Se inocularon 87 LPR con tres aislamientos de *P.griseola* dos aislamientos mesoamericanos que fueron uno de El Salvador y otro de Honduras (razas 15-31 y 63-59 respectivamente) y que no son compatibles con el progenitor andino G 19833, el aislamiento andino fue el 260 de Colombia (raza 63-0) compatible con el progenitor andino. Se inoculó el primer trifolio de 10 plantas de cada LPR con una solución de inóculo de 2×10^7 esporas/ml, las plantas se colocaron en cámara húmeda por 96 horas y evaluadas inicialmente a los 10 días después de la inoculación realizándose cuatro evaluaciones (10, 12, 14 y 17 DDI).

Resultados y Conclusiones: El análisis de las interacciones entre planta hospedante y patógeno reveló diferentes interacciones entre las diferentes razas y las LPR. Cuando las inoculaciones se hicieron con el aislamiento 260 de Colombia (raza 63-0), la mayoría de las familias presentaron resistencia mientras que con los aislamientos mesoamericanos la situación fue diferente. Sin embargo estos resultados son aún preliminares faltando por realizar inoculaciones con nuevos aislamientos como también repeticiones con los aislamientos ya evaluados. [C. Jara, G. Mahuku, S. Beebe]

Actividad 3.3.6 Análisis de genes andinos de resistencia a antracnosis con cepas mesoamericanas

Justificación: Debido a que el patógeno de la antracnosis, *Colletotrichum lindemuthianum*, es tan variable y se está modificando sistemáticamente, la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia y la evaluación de los genotipos mejorados respecto a su reacción a este patógeno, es un proceso continuo. La mayoría de las veces, los genotipos que se han identificado como tolerantes o resistentes a aislamientos locales en condiciones de campo se evalúan en condiciones de invernadero, utilizando aislamientos tanto locales como otros. Este estudio evaluó la reacción de las líneas que habían sido identificadas como resistentes a la antracnosis en condiciones de campo respecto a los aislamientos de otros sitios, en condiciones de invernadero.

Materiales y Métodos: Se evaluaron 73 genotipos de frijol del programa de mejoramiento respecto a aislamientos andinos de *C. lindemuthianum* de República Dominicana (Cuadro 38). Las plantas se inocularon 8 días después de la siembra, siguiendo los protocolos estándar, y se evaluaron 10 días después de la inoculación empleando una escala de 1-9, donde 1= resistente y 9 = altamente susceptible.

Cuadro 38. Fenotipo de virulencia y raza de **1** aislamiento andinos de *Colletotrichum lindemuthianum* utilizado en la caracterización de 73 líneas avanzadas de frijol.

Aislamiento	Localidad	Raza	Variedades diferenciales [§]										
			A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K L
CL 14 DOM	Pta Cana	39	a	b	c			f					

§ Variedades diferenciales: A = Michelite, B = M.D.R.K., C = Perry Marrow, D = Cornell 49242, E = Widusa, F = Kaboon, G = Mexico 222, H = Pi 207262, I = TO, J = TU, K = AB 136 y L = G2333.

Resultados: En el Cuadro 39 figuran 27 genotipos de frijol resistentes a la raza 39 de *C. lindemuthianum* de República Dominicana. Estos materiales pueden ser fuentes importantes de resistencia en las zonas donde no se encuentran aislamientos de *C. lindemuthianum* capaces de superar la resistencia de la variedad. Este resultado muestra la importancia de utilizar aislamientos bien caracterizados de diferentes regiones o zonas para asegurar que la resistencia identificada tenga una aplicación amplia.

Conclusión: Se identificaron 27 genotipos que poseen niveles altos de resistencia a la antracnosis. Estos materiales deben evaluarse con aislamientos de otras regiones o de otros países de América Central, donde la antracnosis es un problema. También deben considerarse como progenitores potenciales en los programas de mejoramiento. Se pueden seleccionar otros materiales que mostraron interacciones variadas de incompatibilidad para aquellas zonas en las cuales expresen altos niveles de resistencia.

3.3.6.1 Caracterización de genes de resistencia a la antracnosis, de origen andino

Justificación: El año pasado, las líneas puras recombinantes (LPR) derivadas de las cruza de DOR 364 x G 19833 fueron inoculadas con tres aislamientos de *C. lindemuthianum* para determinar la herencia de la resistencia y la localización de genes de resistencia. Durante 1999, la misma población fue inoculada con otros tres aislamientos que representaban diferentes razas para ver la naturaleza de la resistencia expresada por el progenitor andino G 19833 y averiguar el número de genes involucrados en la reacción de resistencia, así como posicionar estos genes en el mapa derivado de las LPR de DOR 364 x G 19833.

Materiales y Métodos: Se inocularon 87 LPR con tres aislamientos de *C. lindemuthianum* que representaban las razas 3, 7 y 47. Se inocularon 10 plantas con 1.2×10^6 esporas/ml, las plantas se colocaron por siete días en una cámara húmeda y evaluadas inicialmente 8 días después de la inoculación. Se realizaron dos replicaciones para cada evaluación y en los casos en que no hubo correspondencia entre las dos evaluaciones, las LPR fueron inoculadas una tercera vez. En el análisis, se utilizaron las dos evaluaciones que mostraron correspondencia.

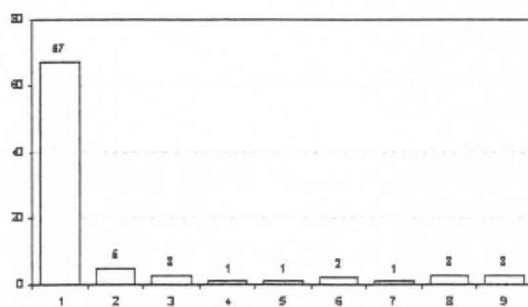
Cuadro 39. Genotipos de frijol resistentes al aislamiento CL-14 DOM (raza 39) de *C. lindemuthianum* de República Dominicana, en condiciones de invernadero.

Entrada	Genotipo	Puntaje
1	G 4637	1
2	G 5686	1
3	G 12539	1
4	BRB 137	1
5	A 193	1
6	DRK 113	1
7	PVA 111	1
8	MAM 13	1
9	DICTA 17	1
10	CATRACHTTA	1
11	MAR 1	1
12	BAT 332	1
13	VAX 1	1
14	VAX 2	1
15	VAX 3	1
16	ARA 18	1
17	G17341	1
18	XAN 309	1
19	TIF 1	1
20	A 493	1
21	STARLMT	1
22	QOS QO POROTO	1
23	HAB 472	1
24	G5273	2
25	G17344	3.5
26	MONTCALM	3.5
27	A36	4.8

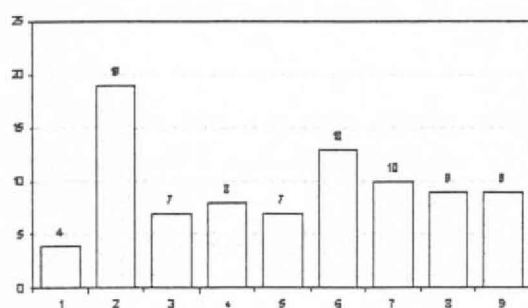
Resultados y Conclusioues: El análisis de las interacciones entre planta hospedante y patógeno reveló diferentes interacciones entre las diferentes razas y las LPR. Cuando las inoculaciones se hicieron con el aislamiento CL 5 DOM (raza 3), la mayoría de las familias (80) presentaron resistencia mientras que con el aislamiento CL235 COL (raza 47), apenas el 34% presentó resistencia. En la Figura 34, se presenta la distribución de la reacción a la enfermedad de las familias inoculadas con los diferentes aislamientos de *C. lindemuthianum*. Los patrones de distribución indican al menos tres genes mayores que condicionan la resistencia. No se sabe si estos genes son duplicados o alélicos, y se requiere de análisis adicional. Además, varios genes menores también están presentes, como se evidencia a partir de la distribución de los fenotipos de interacción. Queda pendiente el análisis de QTLs (loci de caracteres cuantitativos) para colocar estos genes en el mapa genético derivado de DOR 364 x G 19833. [C. Jara, G. Mahuku, S. Beebe]

Número de familias (LPR)

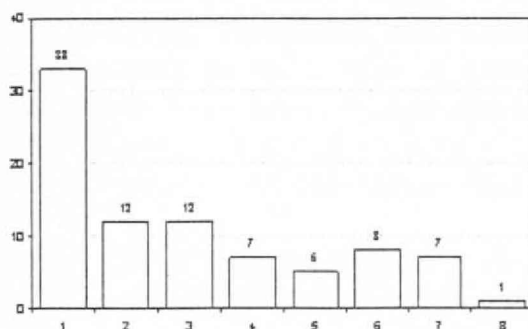
CL5DOM



CL235COL



CL289COL



Escala de evaluación

Figura 34. Distribución de frecuencias de las líneas puras recombinantes de DOR 364 x G 19833, evaluadas por su reacción respecto al patógeno de la antracnosis, *C. / indemuth ian um*.

Actividad 3.3.7 Caracterización de los genes de resistencia a las enfermedades y a los insectos

3.3.7.1 *Xanthomonas campestris*

Justificación: El añublo bacteriano común es una de las enfermedades bacterianas del frijol, *Phaseolus vulgaris*, más ampliamente distribuida. Los genotipos de frijol son muy susceptibles al agente patógeno del CBB mientras que en el frijol tepari, *P. acutifolius*, se encuentran genes mayores de resistencia a la enfermedad. El objetivo de este estudio fue evaluar las líneas VAX 4, VAX 5 y VAX 6, desarrolladas recientemente mediante hibridación interespecífica y piramidación de genes de *P. acutifolius* x *P. vulgaris* para determinar si la resistencia presente en estos materiales es de amplio espectro y si está contenida en los aislamientos de *Xanthomonas campestris* y *fuscans* (Xcp y Xcpf) de amplio origen geográfico. Además, también se compararon estas líneas con líneas desarrolladas anteriormente (VAX 1, VAX 2, VAX 3, Jules y XAN 159).

Metodología: Se sembraron ocho plantas de cada línea de frijol y el testigo susceptible en condiciones de invernadero. La primera hoja trifoliada de cada planta fue inoculada 17 días después de la siembra mediante el método de la cuchilla de afeitar. La concentración de bacterias fue de 5×10^7 UFC/ml. Las evaluaciones se hicieron para cada planta a los 15 y 20 días de la inoculación empleando una escala de 1 a 9, donde 1 = ningún síntoma visible y 9 = muy severamente afectado.

Resultados: No fue evidente ninguna interacción entre las líneas VAX 4-6 con ninguno de los 8 aislamientos de Xcp utilizados en este estudio, mientras que el testigo susceptible presentó síntomas claros y totalmente expresados (Cuadro 40). Estos resultados muestran las ventajas de piramidar varios genes en el mismo fondo genético. Las selecciones se condujeron solamente en condiciones ambientales controladas (invernadero). Deben llevarse a cabo estudios para evaluar la reacción de estas líneas en condiciones de campo y en diferentes ambientes. Los resultados preliminares del colaborador del proyecto en Sudáfrica son muy alentadores. Las líneas VAX -VAX 3, 4, 5 y 6- presentan mejor resistencia a Xcp en comparación con VAX 1, 2 y otras líneas como Jules y XAN 159 (Cuadro 41).

Conclusión: Las líneas VAX 4, 5 y 6 expresan niveles altos de resistencia al añublo bacteriano común y estas líneas demuestran las ventajas de piramidar varios genes de resistencia en el mismo fondo genético.

Actividad 3.3.8 Desarrollo, normalización y aplicación de un método rápido de invernadero para seleccionar germoplasma de frijol respecto a su tolerancia de *Macrophomina phaseolina* y la conexión con la tolerancia de la sequía

Justificación: Se ha observado que el germoplasma de frijol tolerante a *Macrophomina phaseolina* tolera mejor las condiciones de sequía (rinde bien en condiciones de sequía). Esta conexión entre la tolerancia a sequía y la resistencia a *M. phaseolina* ofrece una oportunidad para seleccionar rápidamente material de frijol por tolerancia a sequía, utilizando la resistencia a *M. phaseolina* como un indicador. Se desarrolló y estandarizó un método de selección en invernadero con base en la inoculación artificial de germoplasma de frijol con microesclerocios secos para la selección rutinaria de germoplasma de frijol con resistencia a *M. phaseolina*. Para establecer si la resistencia a *M. phaseolina* está asociada con la tolerancia a sequía, se examinaron 49 materiales de frijol que se están evaluando por tolerancia a sequía y a baja fertilidad. Si se establece esta relación, entonces se podría utilizar la resistencia a (o tolerancia de) *M. phaseolina* como un indicador para seleccionar rápidamente grandes cantidades de materiales de frijol con destino a los ensayos de sequía.

Materiales y Métodos: Se desarrolló un método sencillo y rápido para producir grandes cantidades de microesclerocios de *M. phaseolina*, modificando el método de Abawi (1990). Para estandarizar el método de inoculación, se obtuvo la concentración óptima de inóculo mediante la inoculación de germoplasma de frijol susceptible (A70) y resistente (BAT 447) con diferentes niveles de inóculo, que variaron de 0.5 a 3.5 g de microesclerocios por kg de suelo. El inóculo se distribuyó en toda la maceta o fue colocado apenas en los 5 cm superiores de la maceta. Después de estandarizar el método, se evaluaron en el invernadero 49 materiales de frijol del vivero de sequía. Además, los materiales más resistentes se inocularon adicionalmente con doble cantidad de inóculo para determinar el efecto de la carga de inóculo en la expresión de la resistencia.

Resultados: Se ha empezado a implementar un método sencillo para producir grandes cantidades de microesclerocios de *M. phaseolina* y efectuar las inoculaciones en el invernadero de manera rápida y más eficiente. Se está evaluando la conveniencia de este método para las inoculaciones y la selección rutinaria de germoplasma por resistencia a *M. phaseolina*, utilizando dos genotipos, A70 (muy susceptible) y BAT 477 (resistente). Inicialmente, se evaluaron diferentes concentraciones de microesclerocios y se encontró que la dosis óptima era 1.5 g de microesclerocios/kg de suelo. También se evaluaron diferentes métodos de inoculación: la mezcla de microesclerocios en toda la maceta versus la colocación de microesclerocios apenas en los 5 cm de la parte superior de la maceta y no se encontró ninguna diferencia entre los dos métodos. Enseguida, empleamos este método para seleccionar 49 líneas de frijol de los viveros de baja fertilidad y de sequía. La mayoría de los genotipos que expresaron altos niveles de tolerancia de la sequía (por ejemplo SEA 5) presentaron una reacción inmune respecto a *M. phaseolina* al nivel de inóculo óptimo (Cuadro 42). Apenas cinco genotipos (A752, MAM 46, G 18479, V 8025 y A 36) fueron muy susceptibles al nivel de inóculo óptimo. Cuando se duplicó el nivel de inóculo (3 g/kg de suelo) y se evaluaron 12 de los genotipos más resistentes, no se observaron cambios significativos en la reacción de estas líneas. En algunos genotipos, se observaron lesiones leves en los cotiledones; sin embargo éstas no se desarrollaron ni se extendieron (Cuadro 43). BAT 447, que presentaba

una reacción inmune cuando se utilizó el nivel óptimo, presentó una reacción susceptible a nivel elevado de inóculo pero no se modificó la respuesta de los genotipos resistentes, por ejemplo SHA 5, G 19833 y A 785.

Cuadro 42. Líneas de frijol del vivero de sequía que son resistentes a *Macrophomina phaseolina* en condiciones de invernadero.

Genotipo	Inoculado §	Testigo	Genotipo	Inoculado	Testigo
A 3 2 1	5	I	Negro Cotaxtla	2	1
A 752	7	1	Negro Veracruz	1	I
A 774	4	1	G 4791	4	1
CAP 4	3	1	A 483	3	1
Carioca	4	1	Negro Inifap	2	1
Compuesto Chimaltenango 2	1	1	G 3593	5	1
DICTA 17	2	1	Rio Tibagi	5	1
FEB 190	2	1	G 1977	i	1
FEB 192	4	I	G22179	3	t
MAM 38	4	1	G13755	5	1
MAM 46	9	1	G 15047	2	1
G 3513	2	I	G 20003	2	1
BAT 477	I	1	G 4637	5	1
G18479	6	1	MAR 1	3	1
G 4459	5	1	G 2358	4	1
G 3096	2	1	G 8424	3	1
G 92	2	1	G 17649	2	1
G 4540	2	1	V 8025	6	1
G11640	5	1	G 19833	2	1
G 19227A	4	1	A 36	8	1
VAX 1	5	1	SEA 5	1	1
G 21212	3	1	SEA 13	4	2
G 983	3	1	A 195	3	I
A 785	1	1	G 8454	5	1
VAX 2	4	1	BAT 477	1	I

§ Escala de puntaje: 1 = ningún síntoma visible; 9 = muerte de la planta.
 Las inoculaciones se efectuaron utilizando 1.5 g de microesclerocios/kg de suelo.

Cuadro 43. Evaluación de líneas resistentes a *Macrophomina phaseolina* de los viveros de sequía y de baja fertilidad, utilizando el doble de la inoculación óptima.

Genotipo	Puntaje	
	Inoculado	Testigo
A-321	6	1
Carioca	7	1
G 3513	3	1
G18479	6	1
G 4540	2	1
G19227A	2	1
A 785	2	1
Negro Veracruz	4	1
MAR 1	3	1
G 19833	2	1
SEA 5	2	1
A-70	9	1
BAT 477	6	1
San Cristóbal 83	8	1
Aroana 80	6	1

* Las plantas se inocularon con 3 g de microesclerocios/kg de suelo.

Conclusiones: Se desarrolló, estandarizó y evaluó un método rápido y confiable para seleccionar genotipos respecto a su tolerancia de *M. phaseolina*. También se mostró que los materiales de frijol que se habían encontrado muy tolerantes de la sequía eran bastante resistentes a *M. phaseolina*. Se estableció, por tanto, una correlación entre estos caracteres, lo que significa que la resistencia a *M. phaseolina* puede emplearse como un indicador de selección cuando se selecciona grandes cantidades de germoplasma con destino a los trabajos de sequía. Sólo los materiales resistentes pueden luego ser avanzados para los ensayos de campo, lo que hace más eficiente este ejercicio.

APOYO A PROFRIJOL POR PARTE DEL CIAT

Logros:

- Participación de los científicos del CIAT en la planificación de las actividades de la red PROFRUOL.
- Participación del representante del CIAT en el Comité Ejecutivo de PROFRIJOL.
- Capacitación individual de científicos nacionales e internacionales.
- Participación activa de los científicos del proyecto de frijol del CIAT, con la asistencia a conferencias y reuniones internacionales.
- Colaboración de científicos del CIAT en la evaluación de viveros en el área de PROFRIJOL.
- Apoyo continuo a los programas de mejoramiento que pertenecen a la red de PROFRUOL.
- Desarrollo de poblaciones y distribución de semilla a todos los socios colaboradores en América Central.
- Distribución de líneas derivadas del proyecto de QTLs (loci de caracteres cuantitativos) silvestres con socios nacionales en Panamá, Costa Rica, México y Puerto Rico. Los datos están pendientes,
- Distribución de genotipos promisorios adaptados a condiciones de baja fertilidad del suelo y con tolerancia de la sequía.
- Envío a Nicaragua y a Honduras de fuentes de resistencia a la mancha angular del frijol (MA).
- Envío a Costa Rica de diferenciales y fuentes de resistencia a MA y a antracnosis.
- Envío a Haití de diferenciales de MA y de antracnosis.
- Implementación de una base de datos uniforme de registros genealógicos que sea compatible internamente y accesible a los usuarios externos (Sistema Internacional de Información sobre Cultivos - ICIS).
- Desarrollo de una base de datos para almacenar la información generada por análisis RAPD (polimorfismo del ADN amplificado aleatoriamente).

Proyecto Regional de Frijol para América Central y el Caribe (PROFRIJOL)

En 1980, el CIAT estableció un proyecto de investigación regional formal en América Central con financiamiento de la Agencia Suiza para el Desarrollo y la Cooperación (SDC). El proyecto ha evolucionado hasta el punto en que hoy su administración operativa está en manos de un Comité Ejecutivo de cinco miembros que, a su vez, ejecuta las decisiones de la Asamblea General en la cual todos los países participantes tienen representación. El Equipo de Frijol con sede en el CIAT está representado en el Comité Ejecutivo por el Líder del Proyecto de Frijol. Además, la sede del CIAT brinda apoyo administrativo en gestión financiera.

Con respecto a la investigación, las prioridades se fijan en consulta con los SNLAs en una reunión conjunta de planificación. Todas las actividades del CIAT se coordinan con la matriz de planificación, y el CIAT entrega un plan de trabajo anual que relaciona las metas con las asignaciones presupuestales. Por tanto, las actividades del CIAT están totalmente coordinadas con la estructura de los proyectos regionales y el CIAT opera como colaborador pleno con los SNIA.

La estructura de proyecto incluye cinco subproyectos principales: (1) variedades mejoradas de frijol del acervo de genes mesoamericano, incluyendo tipos de grano rojo y negro; (2) variedades mejoradas de frijol del acervo de genes andino, para uso en la cuenca del Caribe y Panamá; (3) apoyo a los esfuerzos de fitomejoramiento, incluyendo el análisis de la variabilidad genética de los agentes patógenos, la expansión de la base genética de resistencia y el desarrollo de marcadores moleculares para identificación de caracteres; (4) desarrollo de técnicas mejoradas de manejo de cultivos, incluyendo la conservación del suelo y el manejo de la fertilidad; (5) estudios socioeconómicos que incluyen estudios de adopción y de impacto. El CIAT participa directamente (con fondos de presupuestos de proyectos) en los subproyectos 1 y 3 e indirectamente (con fondos del presupuesto básico) en el Subproyecto 2. Se presentan los resultados técnicos en las secciones respectivas, bajo el encabezamiento de Resultados.

Los miembros del equipo HP-1 participaron en la planificación de proyectos por objetivos (PPO) para la siguiente fase de PROFRIJOL. A continuación se indican los aportes que se harán, que serán compatibles con el plan general para la siguiente fase:

- Mejoramiento varietal en frijol de grano pequeño de color negro y rojo. Énfasis en la resistencia a las limitaciones bióticas (VMDF, mancha angular de la hoja, antracnosis, Apion, bacteriosis, mosaico severo del frijol, mosaico común del frijol, mustia hilachosa) y limitaciones abióticas (sequía y baja fertilidad del suelo).
- Diversidad de agentes patógenos (específicamente, mancha angular del frijol y antracnosis).
- Selección, con la ayuda de marcadores, por resistencia a VMDF y bacteriosis.
- Caracterización del germoplasma.

- Colaboración con iniciativas de fitomejoramiento participativo a nivel regional, principalmente mediante el suministro de poblaciones.
- Producción artesanal de semillas, con énfasis en la calidad de la semilla (especialmente en relación con normas fitosanitarias).
- Análisis estadístico de ensayos ECAR.

Fundación Regional de Investigación y Desarrollo Agropecuario (FRIDA)

En 1999, la Agencia Suiza para el Desarrollo y la Cooperación (COSUDE) aprobó una nueva fase de PROFRUOL, que tendrá una duración de dos años y su continuidad dependerá del resultado de FRIDA (Fundación Regional de Investigación y Desarrollo Agropecuario). Para promover el establecimiento de esta fundación, se firmó un convenio entre COSUDE, CIMMYT y CIAT. Un grupo de estudio dirigido por un consultor suizo examinará los aspectos logísticos, legales y operativos de la sostenibilidad y factibilidad de establecer la fundación mencionada anteriormente. Se conformará un Grupo Consultivo formado por un representante de cada uno de las siguientes entidades: CIAT, CIMMYT, COSUDE, PROFRJJOL y el Programa Regional de Maíz (PRM), que estará encargado de brindar orientación, establecer atribuciones y hacer un seguimiento de los avances. Este Grupo Consultivo tuvo su primera reunión. Entretanto, las actividades de PROFRJJOL continuarán según se aprobaron en la reunión de planificación por objetivos (PPO) realizada en la Ciudad de Guatemala en 1999.

A principios del 2000, el grupo de estudio responsable de la creación de FRIDA celebró una reunión de un día que contó con la asistencia de los representantes de COSUDE, CIMMYT-PRM, PROFRJJOL y CIAT. En la reunión se destacaron los siguientes aspectos:

1. Los suizos está plenamente comprometidos con la creación de esta fundación. Si la fundación no ha sido creada a más tardar el 1 de abril del 2001, dejarán de financiar las tres redes (PRM, PROFRJJOL, PRECODEPA) en América Central.
2. La iniciativa incluye a Nicaragua, Honduras, El Salvador y Guatemala. México, Costa Rica, Panamá y el Caribe están excluidos. Se leyeron cartas de “protesta” de Panamá y Costa Rica. COSUDE reconsiderará su posición.
3. La red de papa (PRECODEPA) también se incluirá. En consecuencia, se ha invitado al CIP a participar en FRIDA. Se nombrará un representante del CIP en el grupo de estudio.
4. COSUDE informó a los participantes que le gustaría que hubiera más interés y apoyo en los altos niveles administrativos de los centros internacionales que participan en el proyecto.

5. Los avances en la creación de FRIDA incluyen:

- a. Se ha iniciado la campaña de promoción a nivel nacional. Se examinó una lista de miembros potenciales.
- b. Se han preparado y revisado versiones preliminares de los estatutos y del acta de fundación. La sede de FRIDA será en Managua. No hay necesidad de obtener “personería jurídica” en los demás países.
- c. Se discutió y revisó el texto de un escrito de impacto preparado por COSUDE, que se basó en información suministrada por CIMMYT, CIAT y CIP. Este escrito, junto con un folleto de presentación de FRIDA, se imprimirán en inglés y en español como una co-publicación de lujo (CLAT-CIP-CIMMYT-COSUDE) y se usará ampliamente con el fin de buscar apoyo en América Central y Europa. Posiblemente con la AID y con otros donantes estadounidenses, el CIMMYT coordinará la producción de esta publicación.
- d. Se hará una presentación formal de la iniciativa de FRIDA a la Junta Directiva y a la Administración del CIMMYT y del CIAT. Se ha enviado una carta solicitando permiso para hacerlo.

Los próximos pasos serán:

Finales de marzo: Presentación de FRIDA a la Junta Directiva del CIMMYT

Principios de mayo: Presentación de FRIDA a la Junta Directiva del CLAT

Finales de mayo: Impresión del folleto promocional

Principios de junio hasta octubre: Se intensificará la campaña de promoción a nivel regional y con donantes en Europa y los Estados Unidos

Octubre: Posible presentación de la iniciativa de FRIDA a los donantes en la Semana de los Centros Internacionales en Washington.

La siguiente reunión del grupo de estudio se llevará a cabo en Mayo en Puerto Rico durante la reunión del PCCMCA. [C. Cardona]

Apoyo brindado a los programas de mejoramiento de los SNIA mediante el suministro de germoplasma y conocimientos técnicos

• Análisis del VIRAF, con énfasis en América Central

Justificación: Durante casi 20 años, el Vivero Internacional de Rendimiento y Adaptación de Frijol (VIRAF) fue distribuido y sembrado en las regiones productoras de frijol en todo el mundo. Estos datos están almacenados en el CLAT y representan un banco sustancial de información biológica sobre la adaptación del frijol en ambientes contrastantes. Un análisis cuidadoso de estos datos podría revelar una similitud entre los ambientes de ensayo y las regiones productoras para el intercambio de materiales genéticos y para la evaluación eficaz de futuros materiales, con un mínimo de repetición de sitios.

Materiales y Métodos: El programa SEQRET fue obtenido de la Universidad de Queensland para analizar ensayos multilocalizados durante muchos años. Este programa establece grados relativos de similitud entre sitios de ensayo sin necesidad de evaluar los mismos genotipos durante muchos años. Este programa se aplicó a varios grupos de datos del VIRAF para los cuales estaban disponibles sitios adecuados y genotipos comunes.

Resultados: En el caso del VIRAF de grano rojo pequeño, que fue sembrado más sistemáticamente en América Central, la estación de siembra influyó significativamente en los sitios de ensayo en esa región. Los ensayos en la siembra de mayo se agruparon lejos de los ensayos en la siembra de septiembre, mientras que la tercera fecha de siembra (diciembre-enero en condiciones de riego) tendió a agruparse junto con los de fecha de siembra de septiembre.

Por el contrario, el frijol de grano negro fue mucho menos susceptible a la estación de siembra en América Central. Sin embargo, los ambientes centroamericanos se separaron de los ambientes caribeños.

Conclusiones: Dentro de América Central se pueden distinguir ciertos modelos lógicos en los resultados del análisis SEQRET. Sin embargo, las diferentes clases de frijol comercial reaccionan de manera diferente en muchos ambientes. Los tipos de grano negro han sido, típicamente, más estables que los de grano rojo pequeño en los diferentes ambientes de cultivo. Ahora se conoce que los rojos pequeños y los negros pequeños de hábito de crecimiento 2 pertenecen a dos sub-razas relacionadas pero diferenciadas. Estos hechos se reflejan en los resultados de SEQRET. Se espera investigar el potencial del análisis de SIG para predecir la similitud de los ambientes de producción, pero esto requerirá emplear los datos de rendimiento para calibrar cualquier modelo. Es evidente que diferentes tipos de frijol producirán diferentes patrones de respuesta y, por tanto, pueden requerir también un tratamiento diferente en un modelo de SIG. [S. Beebe]

• Puesta en práctica del Sistema Internacional de Información sobre Cultivos (ICIS) para el frijol común

Justificación: El intercambio de información sobre recursos genéticos y germoplasma mejorado es tan importante como el germoplasma mismo para asegurar el uso adecuado de este último en los programas de fitomejoramiento y en la producción. El CIMMYT y el ERRI están desarrollando un modelo integrado y genérico de manejo de información de cultivos llamado ICIS, enfocado hacia el germoplasma, en particular en el manejo de los registros genealógicos y de los datos agronómicos generados sobre líneas mejoradas. Los registros genealógicos son manejados dentro del Sistema de Manejo de Germoplasma (SMG) y los datos agronómicos dentro del Sistema de Manejo de Datos (SMD). Este sistema se basa en el Sistema Internacional de Información sobre Trigo (SIIT) que ha funcionado durante hace muchos años en el CIMMYT. Desde hace dos años se ha estado trabajando en la adaptación de los registros genealógicos y los datos del frijol al modelo ICIS. La meta es publicar un CD, actualizado periódicamente, con información sobre la mayoría de los principales cultivos del mando del sistema del GCLAI. La versión de ICIS adaptada al frijol común se llama IPHIS (Internacional *Phaseolus* Information System, Sistema Internacional de Información sobre *Phaseolus*).

Materiales y Métodos: Los datos del CIAT están almacenados en Oracle y disponibles internamente, pero no son accesibles a los socios colaboradores externos del CIAT. Los datos incluyen registros genealógicos de más de 40,000 cruza y genealogías de más de 6000 líneas mejoradas, que representan el resultado de más de 20 años de trabajo de seis mejoradores diferentes que han empleado básicamente el mismo sistema de anotación, pero cada uno con variaciones. Estos datos representan la materia prima para ICIS. La implementación del SMG requiere el diseño de un programa de análisis que lea los registros genealógicos tal como se encuentran almacenados en Oracle. ICIS los traduce a dendrogramas o “árboles” que muestran visualmente el parentesco de una línea a lo largo de sus diversas generaciones de cruce y selección. Aquí se informa sobre esta etapa de ICIS.

Resultados: Los registros genealógicos ahora están adaptados para ser leídos por ICIS respecto a los denominados Fitomejoramiento 1 (fitomejoramiento mesoamericano para América Central) y Fitomejoramiento 2 (fitomejoramiento andino). Diversos técnicos habían manejado los datos dentro de Fitomejoramiento 3 (fitomejoramiento mesoamericano para Brasil), utilizando sistemas diferentes para almacenar los registros genealógicos; por tanto, fue un gran reto organizar este conjunto de datos. Ahora se han creado árboles para estas líneas. Aunque los registros genealógicos de Fitomejoramiento 3 no se habían actualizado en el sistema Oracle durante aproximadamente 10 años, esta labor ya casi está lista. Se espera completar para octubre del 2000 el insumo y la lectura de los registros genealógicos de Fitomejoramiento 3.

Conclusiones: Pronto tendremos una base de datos uniforme de registros genealógicos que sea compatible internamente y accesible a los usuarios externos. Esta tarea debe ser seguida en forma casi inmediata de la adaptación de los datos de evaluación (enfermedades, plagas, rendimiento) obtenidos de viveros para los cuales se almacenan datos en Oracle: VEF, EP, VIF, VIRAF. [S. BeebeJ

- **Manejo del suelo y cultivos**

Logros:

- Se distribuyeron genotipos promisorios adaptados a condiciones de baja fertilidad del suelo y con tolerancia de la sequía.

Evaluación de genotipos élitos de frijol respecto a su tolerancia de condiciones de baja fertilidad del suelo en campos de agricultores en México y Cuba

Un conjunto de 49 genotipos promisorios fue evaluado respecto a su tolerancia de la baja fertilidad del suelo por colaboradores en México (Javier Cumpian Gutiérrez, INIFAP, Cd. Isla, Veracruz, México), Cuba (Germán Hernández, MINAG, Quivicán, Cuba) y Costa Rica (Rodolfo Araya, Univ. de Costa Rica, Alajuela), quienes participan en la red de PROFRUOL. Las altas temperaturas (de 30 °C a 32 °C) afectó la evaluación en México. Los genotipos más promisorios identificados con base en su vigor vegetativo fueron MAM 38, G 18479, G 13755, MAM 46, Carioca, A 752, A 195, SEA 13, G 3513, Río Tibagi, SEA 5, CAP 4, MAR 1, Negro INIFAP y G 4540. Los altos niveles de P residual en el

suelo afectaron la evaluación en Costa Rica, pero se identificaron varios genotipos promisorios con tolerancia de los altos niveles de Mn en el suelo (A 774, A 785, V 8025, FEB 190, FEB 192, Negro INIFAP y G 22179). Dos líneas avanzadas, A 774 y A 785, fueron particularmente sobresalientes. [I.M. Rao, S. Beebe y H. Terán]

Evaluación de genotipos élitos de frijol respecto a su tolerancia de la sequía en campos de agricultores en Nicaragua

Un colaborador en Nicaragua, quien participa en la red de PROFUOL (Aurelio Llano, INTA/CNIA, Managua) está evaluando un conjunto de 49 genotipos promisorios respecto a su tolerancia de la sequía. Estos genotipos se sembrarán junto con un ensayo regional de rendimiento para obtener datos de referencia sobre la tolerancia o susceptibilidad de líneas regionales de mejoramiento a condiciones de sequía, en comparación con algunos genotipos conocidos por su tolerancia de la sequía. [I.M. Rao, S. Beebe y H. Terán]

Distribución de semilla a los socios colaboradores

I. Viveros Internacionales

- A. Viveros de Observación (VIF)
(Viveros formados por líneas avanzadas clasificadas según clases de mercado)
- B. Viveros Especializados
BALSIT
Empoasca
VIMP (*Macrophomina*)
- C. Germoplasma de Habichuela

II. Viveros de Mejoramiento

III. Caracterización de Germoplasma

IV. Otros

- DIFALS (Diferenciales de mancha angular de la hoja)
- DEFANT (Diferenciales de antracnosis)

I. Viveros Internacionales

A. Viveros de Observación

Vivero	País	No. de líneas	Colaborador
VTF 1996 (tipos andinos)	Cuba	221	M. Chailloux

B. Viveros Especializados

Vivero País	No. de líneas	Institución
BALSIT Honduras	22	Instituto de Investigaciones Hortícolas Liliana Dimitrova
Líneas negras EMP Cuba	38	
VIMP Nicaragua	30	

C. Germoplasma de Habichuela

Institución	País	No. de líneas	Colaborador
Instituto de Investigaciones Hortícolas Liliana Dimitrova	Cuba	100	M. Chailloux

II. Viveros de Mejoramiento

Vivero	No. de líneas	País
Líneas puras recombinantes DOR 364 x G 19633	89	Honduras
Líneas puras recombinantes DOR 390 x Silv.	100	Costa Rica
Poblaciones F ₂ (con ICTA Hunapu)	43	Guatemala
Familias F ₂ de F ₁ (negro) con resistencia múltiple	415	México
Familias F ₂ de F ₁ (negro y Flor de Mayo) con resistencia múltiple	398	México
Familias F ₂ de F ₁ (negro y rojo) con resistencia múltiple	192	Costa Rica
	131	Cuba
	1336	Honduras
Familias F ₂ de F ₁ (rojo) con resistencia múltiple	28	Haití
	61	Honduras
	191	Nicaragua
Lárice 7x7 para fuentes de tolerancia a baja fertilidad y condiciones de sequía	1176	Costa Rica, Cuba México, Nicaragua
Progenitores para VMDF	16	República Dominicana
Progenitores para tolerancia a baja fertilidad y condiciones de sequía	49	Guatemala, Panamá
Poblaciones de cruza interespecíficas	516	Puerto Rico
VIPADOGEN 1999	141	Cuba, Guatemala, Honduras, Panamá, Puerto Rico
	39	Costa Rica

III. Caracterización de Germoplasma

Vivero	No. de líneas		País
Colección básica (mancha angular y antracnosis)	121		Costa Rica
Accesiones de la colección básica (mustia hilachosa)	17		Panamá, Puerto Rico
Colección básica (baja disponibilidad de P)	33		México
DOR 364	1	(420 kg)	Honduras
Progenies DOR 364 x BAT 477	314		Guatemala, Cuba
Progenies DOR 364 x G 3513	11		Guatemala
Progenies DOR 364 x G 19227A	3		Guatemala
DOR 364 x G 19833	89		Honduras
DOR 390	1	(1kg)	Haití
F ₃ de RC> G 24390 x Pinto Villa	189		México
G 11796	1	(200 g)	Costa Rica
Progenies G 23333 x G 19839	15		Puerto Rico
G 24390 x RAD-Ceranza	100		Panamá, Puerto Rico
Progenies G 24423 x DOR 390	100		México, Costa Rica
Líneas guatemaltecas (Tío Canela, Frijol Ostua, Doricta, ICTA Monjeña)	4	(9 kl)	Haití
Accesiones de <i>P. coccineus</i>	64		Puerto Rico
Accesiones de <i>P. polyanthus</i>	48		Puerto Rico

IV. Otros

Vivero	No. de líneas	País
DIFALS	12	Costa Rica, Haití
DIFANT	12	Haití
Fuentes de resistencia a la mancha angular (MA)	33	El Salvador, Nicaragua

Apoyo para el desarrollo de los recursos humanos

Logros:

- Participación activa de los científicos del proyecto de frijol del CIAT, con la asistencia a conferencias y reuniones internacionales.
- Capacitación individual y en grupo de científicos nacionales e internacionales.
- Desarrollo de una base de datos para almacenar la información generada por análisis RAPD (polimorfismo del ADN amplificado aleatoriamente) (en curso)

• Viajes y asistencia a reuniones

Diversos miembros del Equipo de Frijol (el entomólogo, el especialista en nutrición de plantas, el mejorador, el patólogo y el virólogo) estuvieron en Costa Rica en febrero para evaluar los ensayos de frijol.

Diversos miembros del Equipo de Frijol (el entomólogo, el especialista en nutrición de plantas, el mejorador y el patólogo), junto con el asistente de investigación en mejoramiento, asistieron en abril a la XLV Reunión Anual del PCCMCA en Guatemala y a la Asamblea General de PROFRIJOL en Ciudad de Guatemala.

Las reuniones de APS y Canadian Phytopathological Society, celebradas en agosto en Montreal, Canadá, contaron con la asistencia del patólogo, quien presentó una cartelera sobre “Diversidad en la estructura molecular y en la virulencia de aislamientos de *Phaeoisariopsis griseola* provenientes de América Central y las implicaciones de esta diversidad respecto al mejoramiento para hallar resistencia al patógeno en el frijol”.

El mejorador visitó Cuba para evaluar los campos de frijol y viajó a Puerto Rico para asistir a la reunión W-150.

El especialista en mejoramiento/germoplasma para la región andina visitó Haití para observar los viveros de frijol de PROFRIJOL y hacer planes para esfuerzos colaborativos con organizaciones no gubernamentales y la introducción de líneas avanzadas de mejoramiento y accesiones de frijol trepador del CIAT.

El Líder del Proyecto de Frijol asistió a la reunión de Acuerdos Estratégicos y a la Asamblea General del Proyecto Regional de Frijol para América Central y el Caribe, PROFRIJOL, en Guatemala; y a la reunión del Comité Ejecutivo de PROFRIJOL en Panamá. Asistió, además, a una reunión especial convocada por COSUDE en Guatemala para establecer FRIDA, la fundación que agrupará a PRM y PROFRIJOL.

- **Capacitación**

El Patólogo de la Universidad Nacional de Costa Rica pasó dos semanas en el Laboratorio de Patología del CIAT, aprendiendo técnicas de inoculación y uso de marcadores moleculares.

Un técnico recibió capacitación sobre electroforesis de esterasa y análisis de RAPD-RCP para la identificación de biotipos, en la Unidad de Investigación en Biotecnología del CIAT.

Un estudiante de posgrado de una universidad en Suecia se encuentra en el CIAT para emprender, durante cuatro meses, un análisis de la diversidad genética a nivel de fincas en Nicaragua, donde él se desempeña como especialista en germoplasma en la Universidad Agraria Nacional.

- **Base de datos de RAPD/marcadores**

Se está desarrollando una base de datos para almacenar la información generada por el análisis de RAPD de las secciones andina y mesoamericana de la colección básica. El primer paso fue encontrar un sistema de almacenamiento, manejo y presentación de imágenes dentro de una base de datos relacional. Por fortuna, se ha liberado una nueva versión del software Oracle, que es el programa estándar para bases de datos que contienen información de programas de mejoramiento en el CIAT; esta nueva versión tiene estas capacidades, una interfaz más fácil de usar para los usuarios y la capacidad de ser cargada en la Red de Amplitud Mundial (WWW). De manera que se está procediendo a escanear las fotografías de los geles de RAPD y colocarles anotaciones para que, en el futuro, los genetistas puedan hacer consultas importantes en la base de datos y formular preguntas como ¿cuántos polimorfismos puedo esperar para un determinado iniciador de RAPD cuando comparo dos variedades que pueden ser posibles progenitores? [M. iMuñoz, A. Guerrero, M. Blair, S. Beebe, F. Rojas]

- **Proyecto colaborativo**

Se encuentra en preparación un proyecto colaborativo que será presentado a la Unión Europea por la Universidad Católica de Lovaina, Bélgica. En este proyecto participarán socios colaboradores nacionales en Cuba, México, Brasil y Argentina, y socios colaboradores europeos en Francia, España y Escocia, así como los de Bélgica. El proyecto pretende investigar la fijación simbiótica de nitrógeno, la absorción y eficiencia de uso del P a varios niveles: genética microbiana, fisiología vegeta], genética del hospedante, fitomejoramiento y SIG.

- * **Notas conceptuales preparadas**

1. Frijoles verdes de verdad: reducción del uso indiscriminado de plaguicidas en la producción de habichuela en los trópicos de Africa y América Latina.

2. Identificación de resistencia a la antracnosis (*Colletotrichum lindemuthianum*) y a la mancha angular (*Phaeoisariopsis griseola*) en frijol y caracterización molecular de sus agentes patógenos causales.
3. Desarrollo y adaptación de marcadores moleculares para la incorporación de resistencia duradera a la mancha angular (*Phaeoisariopsis griseola*) en frijol común en América Latina.
4. Caracterización y epidemiología de enfermedades de pudrición de la raíz, causadas por *Fusarium* y *Pythium* spp., en frijol.
5. *Seguridad alimentaria* para América Central y el Caribe mediante una red regional colaborativa de investigación en frijol.
6. Manejo integrado de CBB.
7. Identificación de genes de tolerancia de aluminio.
8. Manejo integrado de la mosca blanca,
9. Fijación biológica de nitrógeno (FBN).
10. Micronutrientes.
11. Desarrollo de marcadores moleculares.

[S. Beebe, C. Cardona, G. Mahuku, I. Rao]